

# **Document made available under the Patent Cooperation Treaty (PCT)**

International application number: PCT/JP05/003652

International filing date: 03 March 2005 (03.03.2005)

Document type: Certified copy of priority document

Document details: Country/Office: JP  
Number: 2004-063277  
Filing date: 05 March 2004 (05.03.2004)

Date of receipt at the International Bureau: 12 May 2005 (12.05.2005)

Remark: Priority document submitted or transmitted to the International Bureau in compliance with Rule 17.1(a) or (b)



World Intellectual Property Organization (WIPO) - Geneva, Switzerland  
Organisation Mondiale de la Propriété Intellectuelle (OMPI) - Genève, Suisse

日本特許庁  
JAPAN PATENT OFFICE

09.3.2005

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されて  
いる事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed  
with this Office.

出願年月日  
Date of Application: 2004年 3月 5日

出願番号  
Application Number: 特願 2004-063277

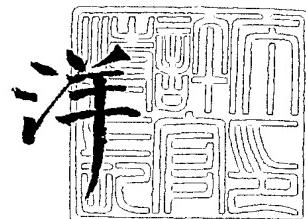
パリ条約による外国への出願  
に用いる優先権の主張の基礎  
となる出願の国コードと出願  
番号  
The country code and number  
of your priority application,  
to be used for filing abroad  
under the Paris Convention, is

出願人  
Applicant(s): 財団法人阪大微生物病研究会

2005年 4月 19日

特許長官  
Commissioner,  
Japan Patent Office

小川



出証番号 出証特 2005-3035385

**【書類名】** 特許願  
**【整理番号】** J103392485  
**【提出日】** 平成16年 3月 5日  
**【あて先】** 特許庁長官 殿  
**【国際特許分類】**  
 C12N 15/38  
 C12Q 1/68  
 C12Q 1/70  
 C07K 14/04

**【発明者】**  
**【住所又は居所】** 香川県三豊郡山本町大字辻 1013-3  
**【氏名】** 長池 和広

**【発明者】**  
**【住所又は居所】** 大阪府茨木市南春日丘 7-10-3-303  
**【氏名】** 森 康子

**【発明者】**  
**【住所又は居所】** 香川県観音寺市室本町 1145-217 サンハイツ しぶり  
**【氏名】** 五味 康行

**【発明者】**  
**【住所又は居所】** 大阪府吹田市青山台 3丁目 18番5号  
**【氏名】** 高橋 理明

**【発明者】**  
**【住所又は居所】** 大阪府豊能郡豊能町光風台 2-1-21  
**【氏名】** 山西 弘一

**【特許出願人】**  
**【識別番号】** 000173692  
**【氏名又は名称】** 財団法人阪大微生物病研究会

**【代理人】**  
**【識別番号】** 100078282  
**【弁理士】**  
**【氏名又は名称】** 山本 秀策

**【選任した代理人】**  
**【識別番号】** 100062409  
**【弁理士】**  
**【氏名又は名称】** 安村 高明

**【選任した代理人】**  
**【識別番号】** 100113413  
**【弁理士】**  
**【氏名又は名称】** 森下 夏樹

**【手数料の表示】**  
**【予納台帳番号】** 001878  
**【納付金額】** 21,000円

**【提出物件の目録】**  
**【物件名】** 特許請求の範囲 1  
**【物件名】** 明細書 1  
**【物件名】** 図面 1  
**【物件名】** 要約書 1

【書類名】特許請求の範囲

【請求項 1】

組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

【請求項 2】

B A C ベクター配列を含む、請求項 1 に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

【請求項 3】

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内に前記B A C ベクター配列の少なくとも一部が挿入されている、請求項 2 に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

【請求項 4】

前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、請求項 3 に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス：

遺伝子 7 の O R F 内の領域、遺伝子 8 の O R F 内の領域、遺伝子 9 の O R F 内の領域、遺伝子 10 の O R F 内の領域、遺伝子 11 の O R F 内の領域、遺伝子 12 の O R F 内の領域、遺伝子 13 の O R F 内の領域、遺伝子 14 の O R F 内の領域、遺伝子 15 の O R F 内の領域、遺伝子 17 の O R F 内の領域、遺伝子 18 の O R F 内の領域、遺伝子 19 の O R F 内の領域、遺伝子 38 の O R F 内の領域、遺伝子 39 の O R F 内の領域、遺伝子 46 の O R F 内の領域、遺伝子 47 の O R F 内の領域、遺伝子 48 の O R F 内の領域、遺伝子 49 の O R F 内の領域、遺伝子 50 の O R F 内の領域、遺伝子 56 の O R F 内の領域、遺伝子 57 の O R F 内の領域、遺伝子 58 の O R F 内の領域、遺伝子 59 の O R F 内の領域、遺伝子 61 の O R F 内の領域、遺伝子 63 の O R F 内の領域、遺伝子 64 の O R F 内の領域、遺伝子 65 の O R F 内の領域、遺伝子 66 の O R F 内の領域、遺伝子 67 の O R F 内の領域、遺伝子 68 の O R F 内の領域、遺伝子 69 の O R F 内の領域、遺伝子 70 の O R F 内の領域、遺伝子 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 10 の O R F に隣接する領域、遺伝子 11 の O R F に隣接する領域、遺伝子 12 の O R F に隣接する領域、遺伝子 13 の O R F に隣接する領域、遺伝子 14 の O R F に隣接する領域、遺伝子 15 の O R F に隣接する領域、遺伝子 17 の O R F に隣接する領域、遺伝子 18 の O R F に隣接する領域、遺伝子 19 の O R F に隣接する領域、遺伝子 38 の O R F に隣接する領域、遺伝子 39 の O R F に隣接する領域、遺伝子 46 の O R F に隣接する領域、遺伝子 47 の O R F に隣接する領域、遺伝子 48 の O R F に隣接する領域、遺伝子 49 の O R F に隣接する領域、遺伝子 50 の O R F に隣接する領域、遺伝子 56 の O R F に隣接する領域、遺伝子 57 の O R F に隣接する領域、遺伝子 58 の O R F に隣接する領域、遺伝子 59 の O R F に隣接する領域、遺伝子 61 の O R F に隣接する領域、遺伝子 63 の O R F に隣接する領域、遺伝子 64 の O R F に隣接する領域、遺伝子 65 の O R F に隣接する領域、遺伝子 66 の O R F に隣接する領域、遺伝子 67 の O R F に隣接する領域、遺伝子 68 の O R F に隣接する領域、遺伝子 69 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 70 の O R F に隣接する領域。

【請求項 5】

前記非必須領域が、遺伝子 11 の O R F に隣接する領域または遺伝子 12 の O R F に隣接する領域である、請求項 4 に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

【請求項 6】

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子 62 の O R F 内の領域に前記B A C ベクター配列の少なくとも一部が挿入されている、請求項 2 に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

【請求項 7】

前記B A C ベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項 2 に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

【請求項 8】

前記B A C ベクター配列が選択マーカーを含む、請求項 2 に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

【請求項 9】

前記選択マーカーが薬剤選択マーカーである、請求項 8 に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

ルス。

**【請求項10】**

前記選択マーカーがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、請求項2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

**【請求項11】**

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、請求項2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

**【請求項12】**

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、請求項2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

**【請求項13】**

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムがOk aワクチン株由来である、請求項2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

**【請求項14】**

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子62および遺伝子6に変異を有する、請求項2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

**【請求項15】**

前記遺伝子62が、配列番号5の塩基配列において、少なくとも以下(a)～(d)の塩基置換：

- (a) 2110番塩基がG；
- (b) 3100番塩基がG；
- (c) 3818番塩基がC；および
- (d) 4006番塩基がG、

ならびに前記遺伝子6が、配列番号8の塩基配列において、少なくとも5745番塩基がGである塩基置換、

を有する、請求項14に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

**【請求項16】**

前記BACベクター配列が配列番号7に記載の配列を有するベクターである、請求項2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

**【請求項17】**

請求項1に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

**【請求項18】**

ワクチンの形態である、請求項17に記載の薬学的組成物。

**【請求項19】**

遺伝子62以外の水痘帯状疱疹ウイルスゲノム必須遺伝子とBACベクター配列とを含む、ベクター。

**【請求項20】**

さらに遺伝子62を含む、請求項19に記載のベクター。

**【請求項21】**

哺乳動物細胞に導入された場合、該哺乳動物細胞が水痘帯状疱疹ウイルスを產生する、請求項19に記載のベクター。

**【請求項22】**

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、該水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内である、請求項19に記載のベクター。

**【請求項23】**

前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、請求項22に記載のベクター：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内

の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

**【請求項24】**

前記連結する部位が、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である、請求項23に記載のベクター。

**【請求項25】**

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域内である、請求項19に記載のベクター。

**【請求項26】**

前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項19に記載のベクター。

**【請求項27】**

前記BACベクター配列が選択マーカーを含む、請求項19に記載のベクター。

**【請求項28】**

前記選択マーカーが薬剤選択マーカーである、請求項27に記載のベクター。

**【請求項29】**

前記選択マーカーがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、請求項27に記載のベクター。

**【請求項30】**

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、請求項19に記載のベクター。

**【請求項31】**

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、請求項19に記載のベクター。

**【請求項32】**

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムがOk-aワクチン株由来である、請求項19に記載のベクター。

**【請求項33】**

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子62および遺伝子6に変異を有する、請求項19に記載のベクター。

**【請求項34】**

前記遺伝子62が、配列番号5の塩基配列において、少なくとも以下(a)～(d)の塩基置換：

- (a) 2110番塩基がG；
- (b) 3100番塩基がG；
- (c) 3818番塩基がC；および
- (d) 4006番塩基がG、

ならびに前記遺伝子6が、配列番号8の塩基配列において、少なくとも5745番塩基がGである塩基置換、

を有する、請求項33に記載のベクター。

**【請求項35】**

前記BACベクター配列が配列番号7に記載の配列を有するベクターである、請求項19に記載のベクター。

**【請求項36】**

請求項19に記載のベクターを含む、細胞。

**【請求項37】**

細菌である、請求項36に記載の細胞。

**【請求項38】**

E.coliである、請求項37に記載の細菌。

**【請求項39】**

哺乳動物細胞である、請求項36に記載の細胞。

**【請求項40】**

ヒト由来の細胞である、請求項39に記載の哺乳動物細胞。

**【請求項41】**

請求項39に記載の哺乳動物細胞によって產生された、ウイルス。

**【請求項42】**

請求項41に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

**【請求項43】**

ワクチンの形態である、請求項42に記載の薬学的組成物。

**【請求項44】**

組換え水痘帯状疱疹ウイルスの製造方法であって、以下の工程：

遺伝子62以外の水痘帯状疱疹ウイルスゲノム必須遺伝子とBACベクター配列とを含むベクターを、哺乳動物宿主細胞に導入する工程；および

該哺乳動物宿主細胞を培養して、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを產生させる工程、を包含する、方法。

**【請求項45】**

前記ベクターがさらに遺伝子62を含む、請求項44に記載の方法。

**【請求項46】**

前記哺乳動物宿主細胞がヒト由来の細胞である、請求項44に記載の方法。

**【請求項47】**

前記BACベクター配列が少なくとも2つの組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項44に記載の方法。

**【請求項48】**

請求項47に記載の方法であって、前記2つの組換えタンパク質依存性組換え配列間での組換えを起こす工程をさらに包含する、方法。

**【請求項49】**

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由來の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、該水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内である、請求項44に記載の方法。

**【請求項50】**

前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、請求項49に記載の方法：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、

遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

#### 【請求項51】

前記非必須領域が、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である、請求項50に記載の方法。

#### 【請求項52】

前記水痘帶状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、該水痘帶状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域である、請求項44に記載の方法。

#### 【請求項53】

前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項44に記載の方法。

#### 【請求項54】

前記BACベクター配列が選択マーカーを含む、請求項44に記載の方法。

#### 【請求項55】

前記選択マーカーが薬剤選択マーカーである、請求項54に記載の方法。

#### 【請求項56】

前記選択マーカーがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、請求項54に記載の方法。

#### 【請求項57】

前記水痘帶状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、請求項44に記載の方法。

#### 【請求項58】

前記水痘帶状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、請求項44に記載の方法。

#### 【請求項59】

前記水痘帶状疱疹ウイルスゲノムがOkawakichin株由来である、請求項44に記載の方法。

#### 【請求項60】

前記水痘帶状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子62および遺伝子6に変異を有する、請求項4

4に記載の方法。

**【請求項61】**

前記遺伝子62が、配列番号5の塩基配列において、少なくとも以下(a)～(d)の塩基置換：

- (a) 2110番塩基がG；
- (b) 3100番塩基がG；
- (c) 3818番塩基がC；および
- (d) 4006番塩基がG、

ならびに前記遺伝子6が、配列番号8の塩基配列において、少なくとも5745番塩基がGである塩基置換、

を有する、請求項60に記載の方法。

**【請求項62】**

前記BACベクター配列が配列番号7に記載の配列を有するベクターである、請求項44に記載の方法。

**【請求項63】**

請求項44に記載の方法によって製造されたウイルス。

**【請求項64】**

請求項63に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

**【請求項65】**

ワクチンの形態である、請求項64に記載の薬学的組成物。

**【請求項66】**

請求項19に記載のベクターに変異を導入する方法であって、以下の工程：

該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該フラグメントは少なくとも1つの変異を有する、工程；

該細菌宿主細胞を培養する工程；

該培養した細菌宿主細胞から、BACベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する、方法。

**【請求項67】**

請求項19に記載のベクターに変異を導入する方法であって、以下の工程：

該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第1のフラグメントを含む第1のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第1のフラグメントは少なくとも1つの変異を有する、工程；

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第2のフラグメントを含む第2のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第2のフラグメントは少なくとも1つの変異を有し、そして該第2のフラグメントは該第1のフラグメントとは異なる、工程；

該細菌宿主細胞を培養する工程；

該培養した細菌宿主細胞から、BACベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する、方法。

**【請求項68】**

細菌細胞内において水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第1のフラグメント、BACベクター配列、および細菌細胞内において水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第2のフラグメントを含む核酸カセットであって、ここで、該BAC配列の両端の各々がそれぞれ第1のフラグメントおよび第2のフラグメントと連結する、核酸カセット。

**【請求項69】**

前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが少なくとも1kbである、請求項6

8に記載の核酸カセット。

【請求項70】

前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが少なくとも1.5kbである、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項71】

前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが少なくとも2kbである、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項72】

前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも80%同一である、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項73】

前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも85%同一である、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項74】

前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも90%同一である、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項75】

前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも95%同一である、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項76】

請求項68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域由来である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

【請求項77】

請求項 6 8 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも 80% 同一である、核酸カセット：

### 【請求項 7 8】

請求項6-8に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも85%同一である、核酸カセット：

遺伝子 7 の ORF 内の領域、遺伝子 8 の ORF 内の領域、遺伝子 9 の ORF 内の領域、遺伝子 10 の ORF 内の領域、遺伝子 11 の ORF 内の領域、遺伝子 12 の ORF 内の領域、遺伝子 13 の ORF 内の領域、遺伝子 14 の ORF 内の領域、遺伝子 15 の ORF 内の領域、遺伝子 17 の ORF 内の領域、遺伝子 18 の ORF 内の領域、遺伝子 19 の ORF 内の領域、遺伝子 38 の ORF 内の領域、遺伝子 39 の ORF 内の領域、遺伝子 46 の ORF 内の領域、遺伝子 47 の ORF 内の領域、遺伝子 48 の ORF 内の領域、遺伝子 49 の ORF 内の領域、遺伝子 50 の ORF 内の領域、遺伝子 56 の ORF 内の領域、遺伝子 57 の ORF 内の領域、遺伝子 58 の ORF 内の領域、遺伝子 59 の ORF 内の領域、遺伝子 61 の ORF 内の領域、遺伝子 62 の ORF 内の領域、遺伝子 63 の ORF 内の領域、遺伝子 64 の ORF 内の領域、遺伝子 65 の ORF 内の領域、遺伝子 66 の ORF 内の領域、遺伝子 67 の ORF 内の領域、遺伝子 68 の ORF 内の領域、遺伝子 69 の ORF 内の領域、遺伝子 70 の ORF 内の領域、遺伝子 7 の ORF に隣接する領域、遺伝子 8 の ORF に隣接する領域、遺伝子 9 の ORF に隣接する領域、遺伝子 10 の ORF に隣接する領域、遺伝子 11 の ORF に隣接する領域、遺伝子 12 の ORF に隣接する領域、遺伝子 13 の ORF に隣接する領域、遺伝子 14 の ORF に隣接する領域、遺伝子 15 の ORF に隣接する領域、遺伝子 17 の ORF に隣接する領域、遺伝子 18 の ORF に隣接する領域、遺伝子 19 の ORF に隣接する領域、遺伝子 38 の ORF に隣接する領域、遺伝子

子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

#### 【請求項79】

請求項68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも90%同一である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

#### 【請求項80】

請求項68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも95%同一である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域。

子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

【請求項81】

請求項68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが異なる領域に由来する、核酸カセット。

【請求項82】

前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域由来である、請求項72に記載の核酸カセット。

【請求項83】

前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項84】

前記BACベクター配列が選択マーカーを含む、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項85】

前記選択マーカーが薬剤選択マーカーである、請求項84に記載の核酸カセット。

【請求項86】

前記選択マーカーがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項87】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項88】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項89】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムがOkawakチン株由来である、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項90】

前記BACベクター配列が配列番号7に記載の核酸配列を有する、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項91】

配列番号2に記載の核酸配列を有する、請求項68に記載の核酸カセット。

【書類名】明細書

【発明の名称】組換え水痘帯状疱疹ウイルス

【技術分野】

【0001】

本発明は、組換え水痘帯状疱疹ウイルス、特にBAC（大腸菌人工染色体）を用いて調製した組換え水痘帯状疱疹ウイルス、およびそのようなウイルスを含む薬学的組成物に関する。さらに、本発明は、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム遺伝子とBACベクター配列とを含むベクター、ならびにそのようなベクターを含む細胞に関する。さらに、本発明は、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを製造する方法に関する。また、本発明は、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得るフラグメント、およびBACベクター配列を含む核酸カセットに関する。

【背景技術】

【0002】

水痘帯状疱疹ウイルス（varicella-zoster virus；VZV）は、ヒトヘルペス科に属するウイルスであり、二つの異なる臨床像を呈する疾患（水痘および帯状疱疹）の原因である。このウイルスの初期感染は水痘（水泡瘡）を引き起こす。その後、ウイルスは、神経節に潜伏感染し、長い年月を経た後、何らかの誘因によって再活性化され、帯状疱疹（ウイルス粒子が形成され、神経を伝わって表皮細胞に達し、神経分布領域に水痘を形成する症状）を引き起こす。

【0003】

VZVのゲノムは、二本鎖DNAであって、約125000塩基からなる。全塩基配列は、Davisonらによって決定されており、ゲノム上には少なくとも72の遺伝子が存在することが知られている。

【0004】

VZVのワクチンの開発は困難であり、VZVワクチンOka株は、高橋ら（特公昭53-41202号）によって開発された世界で唯一の水痘帯状疱疹ウイルス用ワクチンである。現行の弱毒生水痘ワクチンは、弱毒水痘ウイルスOka株に由来のウイルスをシードに用いて製造され、世界の諸国で広く実用に供されている（Requirements for Varicella Vaccine (Live) Adopted 1984; Revised 1993: WHO Technical Report Series, No. 848, pp. 22-38, 1994）。このOka株は、典型的な水痘を呈した患児から、分離されたウイルス（Oka原株）を、ヒト胎児肺細胞を用いて34℃で12代、モルモット胎児細胞を用いて11代継代した後、ヒト二倍体細胞で数代継代して得られたものである。Oka原株は、強い病原性を有するのに対して、Okaワクチン株（Oka株）は、健常児に接種してもほとんど副作用は認められない。そのため、Oka株は、病原性のほとんどないワクチン株として有用である。

【0005】

ウイルスワクチンは、その継代培養とともに、遺伝子型が変化する可能性を有する。また、Oka株自体の調製過程において多数の継代培養がされていることから、Oka株自体も遺伝的に多様性を有する可能性がある。実際に、ワクチンの安全性と有効性とを確保するために、ワクチン製造工程での継代によるウイルスの遺伝的変異を考慮し、製造承認された水痘シードウイルスの継代数の制限、即ち、シード承認時の継代数を0代としてそこから総継代数10代以内のウイルスをワクチンに用いるとするシードロットシステムが制定されている。

【0006】

一方、水痘ワクチンの効果の追跡や市販後調査（PMS：Post-Marketing Surveillance）、また、疫学の観点から、自然感染による水痘患者から分離した水痘ウイルス新鮮野外株と上記Oka株に由来のワクチン株との間のウイルス学的相違の解析が必要となり、免疫学および遺伝子工学等を駆使した解析が、既に種々試みられている。例えば、水痘ウイルス株間での遺伝子構造やDNA塩基配列の違い（Journal

nal of General Virology, 59, 660-668, 1986; 同前, 67, 1759-1816, 1986)、制限酵素Pst Iサイトの有無 (Japanese Journal of Experimental Medicine, 59, 233-237, 1989)、PCR (Polymerase Chain Reaction) を用いるRFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) に基づく判定 (Journal of Virology, 66, 1016-1020, 1992)、上記Pst Iサイトの有無とRFLPとの組合せ (Journal of Clinical Microbiology, 33, 658-660, 1995) 等による試行が報告されている。しかし、これらはいずれも、新鮮野外株とOk a株に由来のワクチン株とを鑑別するための条件を提起しているものであるが、Ok a株自体の遺伝的多様性の問題から、信頼性に欠け、確定的ではなく、そのため、ワクチンの品質管理において問題がある。更に、水痘ウイルスのgene 14領域を用いる水痘ウイルスOk a株の同定方法 (米国特許第6, 093, 535号) や、gene 62領域を用いる弱毒生水痘ワクチン用ウイルス株の同定方法 (国際公開番号WO 00/50603) 等も知られているが、いずれの技術も、水痘ウイルスOk a株 (強毒親株) 、これより派生したワクチン株 (弱毒Ok a株) 、及びOk a株以外の水痘ウイルス株の三者間の相違の検定を可能にしたもの、弱毒生水痘ワクチンの品質管理及び品質保証のための製剤基準としては必ずしも十分ではない。

#### 【0007】

現状では、ワクチンの品質を評価および確認するための方法、例えば、シードウイルスやワクチンウイルスのゲノムDNAの直接的ないしは定量的な遺伝子解析による品質管理は行われていないので、生ワクチン用の弱毒株の品質管理及び品質保証の精度は算出不能であり曖昧である。従って、品質管理及び品質保証の精度を高めることは、弱毒生水痘ワクチンの有効性・安全性・均質性を確保し保証する上で極めて重要である。しかし、上述の通り、未だその方法は確立されておらず、解決すべき急務の課題として残されていた。

#### 【0008】

また、Ok a株よりも優れた改変体水痘帯状疱疹ウイルスワクチンを開発するために、変異導入による組換え水痘帯状疱疹ウイルスおよびその作製方法も求められていた。

【特許文献1】特公昭53-41202号

【特許文献2】米国特許第6, 093, 535号

【特許文献3】国際公開番号WO 00/50603

【非特許文献1】Requirements for Varicella Vaccine (Live) Adopted 1984; Revised 1993: WHO Technical Report Series, No. 848, pp. 22-38, 1994

【非特許文献2】Journal of General Virology, 59, 660-668, 1986

【非特許文献3】Journal of General Virology, 67, 1759-1816, 1986

【非特許文献4】Japanese Journal of Experimental Medicine, 59, 233-237, 1989

【非特許文献5】Journal of Virology, 66, 1016-1020, 1992

【非特許文献6】Journal of Clinical Microbiology, 33, 658-660, 1995

#### 【発明の開示】

#### 【発明が解決しようとする課題】

#### 【0009】

本発明の課題は、水痘帯状疱疹ウイルスワクチンの品質管理及び品質保証の精度を高め、弱毒生水痘ワクチンの有効性・安全性・均質性を確保し保証することにある。さらに本

発明の課題は、Ok a株よりも優れた改変体水痘帯状疱疹ウイルスワクチンを開発するために、変異導入による組換え水痘帯状疱疹ウイルスを作製する方法を確立して、そのようなウイルスを提供することにある。

#### 【0010】

そのために、本発明においては、組換え水痘帯状疱疹ウイルス、およびその製造方法、例えば、BAC（大腸菌人工染色体）を用い、単一のウイルス株から組換え水痘帯状疱疹ウイルスを作製する方法が、提供される。

#### 【課題を解決するための手段】

#### 【0011】

本発明者らは、BACベクター配列を用いる組換え水痘帯状疱疹ウイルス製造方法を開発することによって、本発明を完成した。

#### 【0012】

従って、本発明は以下を提供する。

1. 組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
2. BACベクター配列を含む、項目1に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
3. 水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内に前記BACベクター配列の少なくとも一部が挿入されている、項目2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
4. 前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、項目3に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

5. 前記非必須領域が、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である、項目4に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
6. 水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域に前記BACベクター配列の少なくとも一部が挿入されている、項目2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
7. 前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。

8. 前記B A Cベクター配列が選択マーカーを含む、項目2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
9. 前記選択マーカーが薬剤選択マーカーである、項目8に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
10. 前記選択マーカーがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、項目2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
11. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、項目2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
12. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、項目2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
13. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムがO k aワクチン株由来である、項目2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
14. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子62および遺伝子6に変異を有する、項目2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
15. 前記遺伝子62が、配列番号5の塩基配列において、少なくとも以下(a)～(d)の塩基置換：
- (a) 2110番塩基がG；
  - (b) 3100番塩基がG；
  - (c) 3818番塩基がC；および
  - (d) 4006番塩基がG、
- ならびに前記遺伝子6が、配列番号8の塩基配列において、少なくとも5745番塩基がGである塩基置換、  
を有する、項目14に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
16. 前記B A Cベクター配列が配列番号7に記載の配列を有するベクターである、項目2に記載の組換え水痘帯状疱疹ウイルス。
17. 項目1に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。
18. ワクチンの形態である、項目17に記載の薬学的組成物。
19. 遺伝子62以外の水痘帯状疱疹ウイルスゲノム必須遺伝子とB A Cベクター配列とを含む、ベクター。
20. さらに遺伝子62を含む、項目19に記載のベクター。
21. 哺乳動物細胞に導入された場合、該哺乳動物細胞が水痘帯状疱疹ウイルスを產生する、項目19に記載のベクター。
22. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由來の配列が前記B A Cベクター配列と連結する部位が、該水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内である、項目19に記載のベクター。
23. 前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、項目22に記載のベクター：
- 遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORF

に隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

24. 前記連結する部位が、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である、項目23に記載のベクター。

25. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域内である、項目19に記載のベクター。

26. 前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目19に記載のベクター。

27. 前記BACベクター配列が選択マーカーを含む、項目19に記載のベクター。

28. 前記選択マーカーが薬剤選択マーカーである、項目27に記載のベクター。

29. 前記選択マーカーがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、項目27に記載のベクター。

30. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、項目19に記載のベクター。

31. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、項目19に記載のベクター。

32. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムがOkawakuchin株由来である、項目19に記載のベクター。

33. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子62および遺伝子6に変異を有する、項目19に記載のベクター。

34. 前記遺伝子62が、配列番号5の塩基配列において、少なくとも以下(a)～(d)の塩基置換：

(a) 2110番塩基がG；

(b) 3100番塩基がG；

(c) 3818番塩基がC；および

(d) 4006番塩基がG、

ならびに前記遺伝子6が、配列番号8の塩基配列において、少なくとも5745番塩基がGである塩基置換、

を有する、項目33に記載のベクター。

35. 前記BACベクター配列が配列番号7に記載の配列を有するベクターである、項目19に記載のベクター。

36. 項目19に記載のベクターを含む、細胞。

37. 細菌である、項目36に記載の細胞。

38. E.coliである、項目37に記載の細菌。

39. 哺乳動物細胞である、項目36に記載の細胞。

40. ヒト由来の細胞である、項目39に記載の哺乳動物細胞。

41. 項目39に記載の哺乳動物細胞によって產生された、ウイルス。

42. 項目41に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

43. ワクチンの形態である、項目42に記載の薬学的組成物。

44. 組換え水痘帯状疱疹ウイルスの製造方法であって、以下の工程：

遺伝子62以外の水痘帯状疱疹ウイルスゲノム必須遺伝子とBACベクター配列とを含むベクターを、哺乳動物宿主細胞に導入する工程；および

該哺乳動物宿主細胞を培養して、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを産生させる工程、を包含する、方法。

45. 前記ベクターがさらに遺伝子62を含む、項目44に記載の方法。

46. 前記哺乳動物宿主細胞がヒト由来の細胞である、項目44に記載の方法。

47. 前記BACベクター配列が少なくとも2つの組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目44に記載の方法。

48. 項目47に記載の方法であって、前記2つの組換えタンパク質依存性組換え配列間での組換えを起こす工程をさらに包含する、方法。

49. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、該水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内である、項目44に記載の方法。

50. 前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、項目49に記載の方法：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

51. 前記非必須領域が、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である、項目50に記載の方法。

52. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、該水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域である、項目44に記載の方法。

53. 前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目44に記載の方法。

54. 前記BACベクター配列が選択マーカーを含む、項目44に記載の方法。

55. 前記選択マーカーが薬剤選択マーカーである、項目54に記載の方法。

56. 前記選択マーカーがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、項目54

に記載の方法。

57. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、項目44に記載の方法。

58. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、項目44に記載の方法。

59. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムがOkaワクチン株由来である、項目44に記載の方法。

60. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子62および遺伝子6に変異を有する、項目44に記載の方法。

61. 前記遺伝子62が、配列番号5の塩基配列において、少なくとも以下(a)～(d)の塩基置換：

(a) 2110番塩基がG；

(b) 3100番塩基がG；

(c) 3818番塩基がC；および

(d) 4006番塩基がG、

ならびに前記遺伝子6が、配列番号8の塩基配列において、少なくとも5745番塩基がGである塩基置換、

を有する、項目60に記載の方法。

62. 前記BACベクター配列が配列番号7に記載の配列を有するベクターである、項目44に記載の方法。

63. 項目44に記載の方法によって製造されたウイルス。

64. 項目63に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

65. ワクチンの形態である、項目64に記載の薬学的組成物。

【0013】

66. 項目19に記載のベクターに変異を導入する方法であって、以下の工程：

該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該フラグメントは少なくとも1つの変異を有する、工程；

該細菌宿主細胞を培養する工程；

該培養した細菌宿主細胞から、BACベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する、方法。

67. 項目19に記載のベクターに変異を導入する方法であって、以下の工程：

該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第1のフラグメントを含む第1のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第1のフラグメントは少なくとも1つの変異を有する、工程；

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第2のフラグメントを含む第2のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第2のフラグメントは少なくとも1つの変異を有し、そして該第2のフラグメントは該第1のフラグメントとは異なる、工程；

該細菌宿主細胞を培養する工程；

該培養した細菌宿主細胞から、BACベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する、方法。

68. 細菌細胞内において水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第1のフラグメント、BACベクター配列、および細菌細胞内において水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第2のフラグメントを含む核酸カセットであって、ここで、該BAC配列の両端の各々がそれぞれ第1のフラグメントおよび第2のフラグメントと連結する、核酸カセット。

69. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが少なくとも1kbである、項目68に記載の核酸カセット。

70. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが少なくとも1.5kbである、項目6.8に記載の核酸カセット。

71. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが少なくとも2kbである、項目6.8に記載の核酸カセット。

72. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも80%同一である、項目6.8に記載の核酸カセット。

73. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも85%同一である、項目6.8に記載の核酸カセット。

74. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも90%同一である、項目6.8に記載の核酸カセット。

75. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも95%同一である、項目6.8に記載の核酸カセット。

76. 項目6.8に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域由来である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

77. 項目6.8に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも80%同一である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子4

9のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

78. 項目68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも85%同一である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

79. 項目68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメ

ントが、各々独立して水痘带状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも 90 % 同一である、核酸カセット：

遺伝子 7 の ORF 内の領域、遺伝子 8 の ORF 内の領域、遺伝子 9 の ORF 内の領域、  
遺伝子 10 の ORF 内の領域、遺伝子 11 の ORF 内の領域、遺伝子 12 の ORF 内の領域、  
遺伝子 13 の ORF 内の領域、遺伝子 14 の ORF 内の領域、遺伝子 15 の ORF 内  
の領域、遺伝子 17 の ORF 内の領域、遺伝子 18 の ORF 内の領域、遺伝子 19 の OR  
F 内の領域、遺伝子 38 の ORF 内の領域、遺伝子 39 の ORF 内の領域、遺伝子 46 の  
ORF 内の領域、遺伝子 47 の ORF 内の領域、遺伝子 48 の ORF 内の領域、遺伝子 4  
9 の ORF 内の領域、遺伝子 50 の ORF 内の領域、遺伝子 56 の ORF 内の領域、遺伝  
子 57 の ORF 内の領域、遺伝子 58 の ORF 内の領域、遺伝子 59 の ORF 内の領域、  
遺伝子 61 の ORF 内の領域、遺伝子 62 の ORF 内の領域、遺伝子 63 の ORF 内の  
領域、遺伝子 64 の ORF 内の領域、遺伝子 65 の ORF 内の領域、遺伝子 66 の ORF 内  
の領域、遺伝子 67 の ORF 内の領域、遺伝子 68 の ORF 内の領域、遺伝子 69 の OR  
F 内の領域、遺伝子 70 の ORF 内の領域、遺伝子 7 の ORF に隣接する領域、遺伝子 8  
の ORF に隣接する領域、遺伝子 9 の ORF に隣接する領域、遺伝子 10 の ORF に隣接  
する領域、遺伝子 11 の ORF に隣接する領域、遺伝子 12 の ORF に隣接する領域、遺  
伝子 13 の ORF に隣接する領域、遺伝子 14 の ORF に隣接する領域、遺伝子 15 の O  
RF に隣接する領域、遺伝子 17 の ORF に隣接する領域、遺伝子 18 の ORF に隣接す  
る領域、遺伝子 19 の ORF に隣接する領域、遺伝子 38 の ORF に隣接する領域、遺傳  
子 39 の ORF に隣接する領域、遺伝子 46 の ORF に隣接する領域、遺伝子 47 の OR  
F に隣接する領域、遺伝子 48 の ORF に隣接する領域、遺伝子 49 の ORF に隣接する  
領域、遺伝子 50 の ORF に隣接する領域、遺伝子 56 の ORF に隣接する領域、遺傳  
子 57 の ORF に隣接する領域、遺伝子 58 の ORF に隣接する領域、遺伝子 59 の ORF  
に隣接する領域、遺伝子 61 の ORF に隣接する領域、遺伝子 62 の ORF に隣接する  
領域、遺伝子 63 の ORF に隣接する領域、遺伝子 64 の ORF に隣接する領域、遺傳  
子 65 の ORF に隣接する領域、遺伝子 66 の ORF に隣接する領域、遺伝子 67 の ORF  
に隣接する領域、遺伝子 68 の ORF に隣接する領域、遺伝子 69 の ORF に隣接する領域  
、および遺伝子 70 の ORF に隣接する領域。

80. 項目68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも95%同一である、核酸カセット：

遺伝子 7 の ORF 内の領域、遺伝子 8 の ORF 内の領域、遺伝子 9 の ORF 内の領域、遺伝子 10 の ORF 内の領域、遺伝子 11 の ORF 内の領域、遺伝子 12 の ORF 内の領域、遺伝子 13 の ORF 内の領域、遺伝子 14 の ORF 内の領域、遺伝子 15 の ORF 内の領域、遺伝子 17 の ORF 内の領域、遺伝子 18 の ORF 内の領域、遺伝子 19 の ORF 内の領域、遺伝子 38 の ORF 内の領域、遺伝子 39 の ORF 内の領域、遺伝子 46 の ORF 内の領域、遺伝子 47 の ORF 内の領域、遺伝子 48 の ORF 内の領域、遺伝子 49 の ORF 内の領域、遺伝子 50 の ORF 内の領域、遺伝子 56 の ORF 内の領域、遺伝子 57 の ORF 内の領域、遺伝子 58 の ORF 内の領域、遺伝子 59 の ORF 内の領域、遺伝子 61 の ORF 内の領域、遺伝子 62 の ORF 内の領域、遺伝子 63 の ORF 内の領域、遺伝子 64 の ORF 内の領域、遺伝子 65 の ORF 内の領域、遺伝子 66 の ORF 内の領域、遺伝子 67 の ORF 内の領域、遺伝子 68 の ORF 内の領域、遺伝子 69 の ORF 内の領域、遺伝子 70 の ORF 内の領域、遺伝子 7 の ORF に隣接する領域、遺伝子 8 の ORF に隣接する領域、遺伝子 9 の ORF に隣接する領域、遺伝子 10 の ORF に隣接する領域、遺伝子 11 の ORF に隣接する領域、遺伝子 12 の ORF に隣接する領域、遺伝子 13 の ORF に隣接する領域、遺伝子 14 の ORF に隣接する領域、遺伝子 15 の ORF に隣接する領域、遺伝子 17 の ORF に隣接する領域、遺伝子 18 の ORF に隣接する領域、遺伝子 19 の ORF に隣接する領域、遺伝子 38 の ORF に隣接する領域、遺伝子 39 の ORF に隣接する領域、遺伝子 46 の ORF に隣接する領域、遺伝子 47 の ORF に隣接する領域、遺伝子 48 の ORF に隣接する領域、遺伝子 49 の ORF に隣接する領域

領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

81. 項目68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが異なる領域に由来する、核酸カセット。

82. 前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域由来である、項目72に記載の核酸カセット。

83. 前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目68に記載の核酸カセット。

84. 前記BACベクター配列が選択マーカーを含む、項目68に記載の核酸カセット。

85. 前記選択マーカーが薬剤選択マーカーである、項目84に記載の核酸カセット。

86. 前記選択マーカーがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、項目68に記載の核酸カセット。

87. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、項目68に記載の核酸カセット。

88. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、項目68に記載の核酸カセット。

89. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムがOkawakチン株由来である、項目68に記載の核酸カセット。

90. 前記BACベクター配列が配列番号7に記載の核酸配列を有する、項目68に記載の核酸カセット。

91. 配列番号2に記載の核酸配列を有する、項目68に記載の核酸カセット。

#### 【発明の効果】

##### 【0014】

本発明によって、組換え水痘帯状疱疹ウイルス、およびその製造方法が提供される。例えば、本発明によって、BAC（大腸菌人工染色体）を用い、単一のウイルス株から組換え水痘帯状疱疹ウイルスを作製する方法、およびその方法によって作製された組換え水痘帯状疱疹ウイルスが提供される。また、本発明によって、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを含む薬学的組成物がまた提供される。

##### 【0015】

さらに、本発明によって、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム遺伝子とBACベクター配列とを含むベクター、およびそのようなベクターを含む細胞、ならびに水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得るフラグメント、およびBACベクター配列を含む核酸カセットが提供される。

#### 【発明を実施するための最良の形態】

##### 【0016】

以下、本発明を説明する。本明細書の全体にわたり、单数形の表現は、特に言及しない限り、その複数形の概念をも含むことが理解されるべきである。また、本明細書において使用される用語は、特に言及しない限り、当該分野で通常用いられる意味で用いられることが理解されるべきである。したがって、他に定義されない限り、本明細書中で使用される全ての専門用語および科学技術用語は、本発明の属する分野の当業者によって一般的に理解されるのと同じ意味を有する。矛盾する場合、本明細書（定義を含めて）が優先する。

##### 【0017】

（用語の定義）

以下に本明細書において特に使用される用語の定義を列挙する。

【0018】

本明細書において使用される場合、水痘帯状疱疹ウイルスの「必須遺伝子」とは、水痘帯状疱疹ウイルスが増殖するために必須の遺伝子をいう。また、水痘帯状疱疹ウイルスの「非必須遺伝子」とは、水痘帯状疱疹ウイルスが増殖するために必須ではない遺伝子であり、たとえ欠損したとしても、水痘帯状疱疹ウイルスが増殖し得る遺伝子をいう。水痘帯状疱疹ウイルスの非必須遺伝子としては、例えば、以下が挙げられるが、これらに限定されない：遺伝子7、遺伝子8、遺伝子9、遺伝子10、遺伝子11、遺伝子12、遺伝子13、遺伝子14、遺伝子15、遺伝子17、遺伝子18、遺伝子19、遺伝子38、遺伝子39、遺伝子46、遺伝子47、遺伝子48、遺伝子49、遺伝子50、遺伝子56、遺伝子57、遺伝子58、遺伝子59、遺伝子61、遺伝子63、遺伝子64、遺伝子65、遺伝子66、遺伝子67、遺伝子68、遺伝子69、および遺伝子70。

【0019】

ウイルスゲノム中の遺伝子が必須遺伝子である場合、その遺伝子の破壊によってウイルスは増殖できなくなる。従って、ウイルスゲノム中の任意の遺伝子を破壊して、そのウイルスの増殖を検出することによって、その遺伝子が必須遺伝子か非必須遺伝子かを決定することができる。

【0020】

本明細書において水痘帯状疱疹ウイルスの「野生株」とは、人工的な改変を受けていない、天然より単離された水痘帯状疱疹ウイルス株をいう。野生株の例としては、Davidson, A. J. および Scott, J. E. (J. Gen. Virol. 67 (Pt 9), 1759-1816 (1986)) が同定したDumas株が挙げられるが、これに限定されない。このDumas株の核酸配列を配列番号5に記載する。このDumas株のORFの番号および位置は、以下のとおりである。

ORF番号	読み替わる方向	ゲノム上の位置	アミノ酸残基数
ORF 1	3' → 5' 方向	589～915	アミノ酸 1-108
ORF 2	5' → 3' 方向	1134～1850	アミノ酸 1-238
ORF 3	3' → 5' 方向	1908～2447	アミノ酸 1-179
ORF 4	3' → 5' 方向	2783～4141	アミノ酸 1-452
ORF 5	3' → 5' 方向	4252～5274	アミノ酸 1-340
ORF 6	3' → 5' 方向	5326～8577	アミノ酸 1-1083
ORF 7	5' → 3' 方向	8607～9386	アミノ酸 1-259
ORF 8	3' → 5' 方向	9477～10667	アミノ酸 1-396
ORF 9	5' → 3' 方向	11009～11917	アミノ酸 1-302
ORF 9A	5' → 3' 方向	10642～10902	アミノ酸 1-87
ORF 10	5' → 3' 方向	12160～13392	アミノ酸 1-410
ORF 11	5' → 3' 方向	13590～16049	アミノ酸 1-819
ORF 12	5' → 3' 方向	16214～18199	アミノ酸 1-661
ORF 13	5' → 3' 方向	18441～19346	アミノ酸 1-301
ORF 14	3' → 5' 方向	19431～21113	アミノ酸 1-560
ORF 15	3' → 5' 方向	21258～22478	アミノ酸 1-406
ORF 16	3' → 5' 方向	22568～23794	アミノ酸 1-408
ORF 17	5' → 3' 方向	24149～25516	アミノ酸 1-455
ORF 18	3' → 5' 方向	25573～26493	アミノ酸 1-306
ORF 19	3' → 5' 方向	26518～28845	アミノ酸 1-775
ORF 20	3' → 5' 方向	29024～30475	アミノ酸 1-483
ORF 21	5' → 3' 方向	30759～33875	アミノ酸 1-1038
ORF 22	5' → 3' 方向	34083～42374	アミノ酸 1-2763
ORF 23	3' → 5' 方向	42431～43138	アミノ酸 1-235
ORF 24	3' → 5' 方向	43212～44021	アミノ酸 1-269

ORF 25	3' → 5' 方向	4 4 1 4 8 ~ 4 4 6 1 8	アミノ酸 1 - 1 5 6
ORF 26	5' → 3' 方向	4 4 5 0 6 ~ 4 6 2 6 3	アミノ酸 1 - 5 8 5
ORF 27	5' → 3' 方向	4 6 1 2 7 ~ 4 7 1 2 8	アミノ酸 1 - 3 3 3
ORF 28	3' → 5' 方向	4 7 0 5 2 ~ 5 0 6 3 6	アミノ酸 1 - 1 1 9 4
ORF 29	5' → 3' 方向	5 0 8 5 7 ~ 5 4 4 7 1	アミノ酸 1 - 1 2 0 4
ORF 30	5' → 3' 方向	5 4 6 5 1 ~ 5 6 9 6 3	アミノ酸 1 - 7 7 0
ORF 31	5' → 3' 方向	5 7 0 0 8 ~ 5 9 6 1 4	アミノ酸 1 - 8 6 8
ORF 32	5' → 3' 方向	5 9 7 6 6 ~ 6 0 1 9 7	アミノ酸 1 - 1 4 3
ORF 33	3' → 5' 方向	6 0 3 2 1 ~ 6 2 1 3 8	アミノ酸 1 - 6 0 5
ORF 33.	5' 3' → 5' 方向	6 0 3 2 1 ~ 6 1 2 2 9	アミノ酸 1 - 3 0 1
ORF 34	3' → 5' 方向	6 2 1 7 1 ~ 6 3 9 1 0	アミノ酸 1 - 5 7 9
ORF 35	3' → 5' 方向	6 3 9 7 7 ~ 6 4 7 5 3	アミノ酸 1 - 2 5 8
ORF 36	5' → 3' 方向	6 4 8 0 7 ~ 6 5 8 3 2	アミノ酸 1 - 3 4 1
ORF 37	5' → 3' 方向	6 6 0 7 4 ~ 6 8 5 9 9	アミノ酸 1 - 8 4 1
ORF 38	3' → 5' 方向	6 8 6 6 8 ~ 7 0 2 9 3	アミノ酸 1 - 5 4 1
ORF 39	5' → 3' 方向	7 0 6 3 3 ~ 7 1 3 5 5	アミノ酸 1 - 2 4 0
ORF 40	5' → 3' 方向	7 1 5 4 0 ~ 7 5 7 3 0	アミノ酸 1 - 1 3 9 6
ORF 41	5' → 3' 方向	7 5 8 4 7 ~ 7 6 7 9 7	アミノ酸 1 - 3 1 6
ORF 42 + 45	3' → 5' 方向 7 6 8 5 1 ~ 7 8 0 3 8 および 8 1 5 3 8 ~ 8 2 5 9 3		アミノ酸 1 - 7 4 7
ORF 43	5' → 3' 方向	7 8 1 7 0 ~ 8 0 2 0 0	アミノ酸 1 - 6 7 6
ORF 44	5' → 3' 方向	8 0 3 6 0 ~ 8 1 4 5 1	アミノ酸 1 - 3 6 3
ORF 46	5' → 3' 方向	8 2 7 1 9 ~ 8 3 3 1 8	アミノ酸 1 - 1 9 9
ORF 47	5' → 3' 方向	8 3 1 6 8 ~ 8 4 7 0 0	アミノ酸 1 - 5 1 0
ORF 48	5' → 3' 方向	8 4 6 6 7 ~ 8 6 3 2 2	アミノ酸 1 - 5 5 1
ORF 49	5' → 3' 方向	8 6 2 2 6 ~ 8 6 4 7 1	アミノ酸 1 - 8 1
ORF 50	3' → 5' 方向	8 6 5 7 5 ~ 8 7 8 8 2	アミノ酸 1 - 4 3 5
ORF 51	5' → 3' 方向	8 7 8 8 1 ~ 9 0 3 8 8	アミノ酸 1 - 8 3 5
ORF 52	5' → 3' 方向	9 0 4 9 3 ~ 9 2 8 0 8	アミノ酸 1 - 7 7 1
ORF 53	3' → 5' 方向	9 2 8 5 5 ~ 9 3 8 5 0	アミノ酸 1 - 3 3 1
ORF 54	3' → 5' 方向	9 3 6 7 5 ~ 9 5 9 8 4	アミノ酸 1 - 7 6 9
ORF 55	5' → 3' 方向	9 5 9 9 6 ~ 9 8 6 4 1	アミノ酸 1 - 8 8 1
ORF 56	5' → 3' 方向	9 8 5 6 8 ~ 9 9 3 0 2	アミノ酸 1 - 2 4 4
ORF 57	3' → 5' 方向	9 9 4 1 1 ~ 9 9 6 2 6	アミノ酸 1 - 7 1
ORF 58	3' → 5' 方向	9 9 6 0 7 ~ 1 0 0 2 7 2	アミノ酸 1 - 2 2 1
ORF 59	3' → 5' 方向	1 0 0 3 0 2 ~ 1 0 1 2 1 9	アミノ酸 1 - 3 0 5
ORF 60	3' → 5' 方向	1 0 1 1 7 0 ~ 1 0 1 6 4 9	アミノ酸 1 - 1 5 9
ORF 61	3' → 5' 方向	1 0 3 0 8 2 ~ 1 0 4 4 8 5	アミノ酸 1 - 4 6 7
ORF 62	3' → 5' 方向	1 0 5 2 0 1 ~ 1 0 9 1 3 3	アミノ酸 1 - 1 3 1 0
ORF 63	5' → 3' 方向	1 1 0 5 8 1 ~ 1 1 1 4 1 7	アミノ酸 1 - 2 7 8
ORF 64	5' → 3' 方向	1 1 1 5 6 5 ~ 1 1 2 1 0 7	アミノ酸 1 - 1 8 0
ORF 65	3' → 5' 方向	1 1 2 3 3 2 ~ 1 1 2 6 4 0	アミノ酸 1 - 1 0 2
ORF 66	5' → 3' 方向	1 1 3 0 3 7 ~ 1 1 4 2 1 8	アミノ酸 1 - 3 9 3
ORF 67	5' → 3' 方向	1 1 4 4 9 6 ~ 1 1 5 5 6 0	アミノ酸 1 - 3 5 4
ORF 68	5' → 3' 方向	1 1 5 8 0 8 ~ 1 1 7 6 7 9	アミノ酸 1 - 6 2 3
ORF 69	3' → 5' 方向	1 1 7 7 9 0 ~ 1 1 8 3 3 2	アミノ酸 1 - 1 8 0
ORF 70	3' → 5' 方向	1 1 8 4 8 0 ~ 1 1 9 3 1 6	アミノ酸 1 - 2 7 8
ORF 71	5' → 3' 方向	1 2 0 7 6 4 ~ 1 2 4 6 9 6	アミノ酸 1 - 1 3 1 0

上記の表で、「5' → 3' 方向」とは、ORFが配列番号5の核酸配列と同一の方向にあることを示し、「3' → 5' 方向」とは、ORFが配列番号5の核酸配列と逆の方向にあ

ることを示す。上記ORFの核酸配列および／またはアミノ酸配列と相同的な配列を同定することによって、当業者は、Dumas株以外の株由来のゲノム中のORFを同定することを容易にし得る。

#### 【0021】

本明細書において「変異株」とは、野生株であるウイルス株に、変異誘発、多数回の継代培養などによって変異誘発をした水痘帯状疱疹ウイルス株をいう。水痘帯状疱疹ウイルス株に変異誘発する場合、この変異誘発は、ランダムな変異導入であっても、部位特異的変異導入であってもよい。

#### 【0022】

本明細書において使用する場合、「弱毒化ウイルス」とは、ウイルス変異株の一種であって毒性が野生株より減弱化されているものをいう。ウイルス変異株が毒性が野生株より減弱化されているか否かを決定する方法、すなわち、水痘帯状疱疹ウイルスの病原性を試験する方法について、2つの方法が確立されている。

#### 【0023】

動物モデルを用いる方法として、ヒトの皮膚を移植した重症複合免疫不全（SCID）マウスを作製し、これに水痘帯状疱疹ウイルスを感染させることによって、病原性についての評価をする方法が周知である（J. Virol. 1998 Feb; 72 (2) : 965-74, ）。

#### 【0024】

これに対し試験管内で病原性の評価を行う方法としては、ポアサイズが3μmのトランスウェルで仕切られた二層のウェルの下側に単層培養のヒトメラノーマ細胞を入れ、上側に水痘帯状疱疹ウイルスを感染させた臍帯血単核球（CBMC）をそれぞれ入れ、7～8日培養した後のメラノーマ細胞のCPE（細胞変性効果）の程度を観察する方法もまた周知である（J. Virol. 2000 Feb; 74 (4) : 1864-70）。

#### 【0025】

また、病原性を直接確認する方法ではないが、本発明者らのこれまでの結果（J. Virol. 2002 Nov; 76 (22) : 11447-59）から、ウイルスの病原性と増殖性には密接な関連があることが理解されているため、infectious center assayによってcell-to-cellの増殖性を調べることによっても間接的に病原性について評価を行うことができる。

#### 【0026】

人工的にウイルスを弱毒化する方法は、公知である。例えば、配列番号5に記載の遺伝子6において、少なくとも以下(a)～(d)の塩基置換：

- (a) 2110番塩基がG；
- (b) 3100番塩基がG；
- (c) 3818番塩基がC；および
- (d) 4006番塩基がG；

ならびに配列番号8に記載の遺伝子6において、少なくとも5745番塩基がGである塩基置換、

を有する水痘帯状疱疹ウイルスを、弱毒化ウイルスとして使用可能である。

#### 【0027】

上記水痘帯状疱疹ウイルスを用いる代わりに、(a)～(d)の塩基置換に加え、以下の(e)～(g)の少なくとも1以上の塩基置換：

- (e) 1251番塩基がG；
- (f) 2226番塩基がG；および
- (g) 3657番塩基がG

を有する弱毒水痘ウイルス株を使用することが可能である。

#### 【0028】

さらに、本発明において、上記水痘帯状疱疹ウイルスを用いる代わりに、(a)～(g)の少なくとも1以上の塩基置換に加え、以下の(h)～(o)の少なくとも1以上の塩

基置換：

- (h) 1 6 2 番塩基がC；
- (i) 2 2 5 番塩基がC；
- (j) 5 2 3 番塩基がC；
- (k) 1 5 6 5 番塩基がC；
- (l) 1 7 6 3 番塩基がC；
- (m) 2 6 5 2 番塩基がC；
- (n) 4 0 5 2 番塩基がC；および
- (o) 4 1 9 3 番塩基がC

を有する弱毒水痘ウイルス株を使用することが可能である。

#### 【0029】

あるいは、「弱毒化ウイルス」として、例えば、遺伝子62に、以下からなる群から選択される塩基置換の少なくとも1つを有するウイルスを使用し得る：

- (a) 2 1 1 0 番塩基がG；
- (b) 3 1 0 0 番塩基がG；
- (c) 3 8 1 8 番塩基がC；
- (d) 4 0 0 6 番塩基がG；
- (e) 1 2 5 1 番塩基がG；
- (f) 2 2 2 6 番塩基がG；
- (g) 3 6 5 7 番塩基がG；
- (h) 1 6 2 番塩基がC；
- (i) 2 2 5 番塩基がC；
- (j) 5 2 3 番塩基がC；
- (k) 1 5 6 5 番塩基がC；
- (l) 1 7 6 3 番塩基がC；
- (m) 2 6 5 2 番塩基がC；
- (n) 4 0 5 2 番塩基がC；および
- (o) 4 1 9 3 番塩基がC。

#### 【0030】

本明細書において使用される用語「タンパク質」「ポリペプチド」「オリゴペプチド」および「ペプチド」は、本明細書において同じ意味で使用され、任意の長さのアミノ酸のポリマーをいう。

#### 【0031】

本明細書において使用される用語「ポリヌクレオチド」「オリゴヌクレオチド」および「核酸」は、本明細書において同じ意味で使用され、任意の長さのヌクレオチドのポリマーをいう。他にそうではないと示されなければ、特定の核酸配列はまた、明示的に示された配列と同様に、その保存的に改変された改変体（例えば、縮重コドン置換体）および相補配列を包含することが企図される。具体的には、縮重コドン置換体は、1またはそれ以上の選択された（または、すべての）コドンの3番目の位置が混合塩基および／またはデオキシイノシン残基で置換された配列を作成することにより達成され得る（Batzlerら、Nucleic Acid Res. 19: 5081 (1991)；Ohtsukら、J. Biol. Chem. 260: 2605-2608 (1985)；Rossoliniら、Mol. Cell. Probes 8: 91-98 (1994)）。

#### 【0032】

本明細書において「遺伝子」とは、遺伝形質を規定する因子をいう。通常染色体上に一定の順序に配列している。タンパク質の一次構造を規定する遺伝子を構造遺伝子といい、その発現を左右する調節遺伝子という。本明細書では、「遺伝子」は、「ポリヌクレオチド」「オリゴヌクレオチド」および「核酸」ならびに／あるいは「タンパク質」「ポリペプチド」「オリゴペプチド」および「ペプチド」をさすことがある。本明細書において遺伝子の「オープンリーディングフレーム」または「ORF」とは、遺伝子の塩基配列

を3塩基ずつに区切った時の3通りの枠組の1つであって、開始コドンを有し、そして途中に終止コドンが出現せずある程度の長さを持ち、実際にタンパク質をコードする可能性のある読み枠をいう。水痘帯状疱疹ウイルスゲノムは、その全塩基配列が決定されており、少なくとも71個の遺伝子が同定されており、その遺伝子の各々がオープンリーディングフレーム（ORF）を有することが公知である。

#### 【0033】

本明細書において、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内の遺伝子の「ORF内の領域」とは、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内にある遺伝子においてORFを形成する塩基の存在する領域をいう。

#### 【0034】

本明細書において、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内の遺伝子の「ORFに隣接する領域」とは、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内にある遺伝子においてORFの近傍にある塩基の存在する領域であって、その遺伝子または他の遺伝子のORF内の領域に該当しない領域をいう。

#### 【0035】

本明細書において遺伝子の「相同性」とは、2以上の遺伝子配列の、互いに対する同一性の程度をいう。従って、ある2つの遺伝子の相同性が高いほど、それらの配列の同一性または類似性は高い。2種類の遺伝子が相同性を有するか否かは、配列の直接の比較、または核酸の場合ストリングエントな条件下でのハイブリダイゼーション法によって調べられる。2つの遺伝子配列を直接比較する場合、その遺伝子配列間でDNA配列が、代表的には少なくとも50%同一である場合、好ましくは少なくとも70%同一である場合、より好ましくは少なくとも80%、90%、95%、96%、97%、98%または99%同一である場合、それらの遺伝子は相同性を有する。

#### 【0036】

本明細書では塩基配列の同一性の比較および相同性の算出は、配列分析用ツールであるBLASTを用いてデフォルトパラメータを用いて算出される。

#### 【0037】

本明細書において遺伝子、ポリヌクレオチド、ポリペプチドなどの「発現」とは、その遺伝子などがインビボで一定の作用を受けて、別の形態になることをいう。好ましくは、遺伝子、ポリヌクレオチドなどが、転写および翻訳されて、ポリペプチドの形態になることをいうが、転写されてmRNAが作製されることもまた発現の一態様であり得る。より好ましくは、そのようなポリペプチドの形態は、翻訳後プロセシングを受けたものであり得る。

#### 【0038】

アミノ酸は、その一般に公知の3文字記号か、またはIUPAC-IUB Biochemical Nomenclature Commissionにより推奨される1文字記号のいずれかにより、本明細書中で言及され得る。ヌクレオチドも同様に、一般に受け入れられた1文字コードにより言及され得る。

#### 【0039】

本明細書において、「フラグメント」とは、全長のポリペプチドまたはポリヌクレオチド（長さがn）に対して、1～n-1までの配列長さを有するポリペプチドまたはポリヌクレオチドをいう。フラグメントの長さは、その目的に応じて、適宜変更することができ、例えば、その長さの下限としては、ポリペプチドの場合、3、4、5、6、7、8、9、10、15、20、25、30、40、50およびそれ以上のアミノ酸が挙げられ、この具体的に例挙していない整数で表される長さ（例えば、11など）もまた、下限として適切であり得る。また、ポリヌクレオチドの場合、5、6、7、8、9、10、15、20、25、30、40、50、75、100、200、300、400、500、600、600、700、800、900、1000およびそれ以上のヌクレオチドが挙げられ、この具体的に例挙していない整数で表される長さ（例えば、11など）もまた、下限として適切であり得る。

## 【0040】

BACベクター内の遺伝子がコードするポリペプチドは、天然型のポリペプチドと実質的に同一の作用を有する限り、アミノ酸配列中の1以上（例えば、1または数個）のアミノ酸が置換、付加および／または欠失していてもよく、糖鎖が置換、付加および／または欠失していてもよい。

## 【0041】

本明細書において使用する場合、「糖鎖」とは、単位糖（单糖および／またはその誘導体）が1つ以上連なってできた化合物をいう。単位糖が2つ以上連なる場合は、各々の単位糖同士の間は、グリコシド結合による脱水縮合によって結合する。このような糖鎖としては、例えば、生体中に含有される多糖類（グルコース、ガラクトース、マンノース、フコース、キシロース、N-アセチルグルコサミン、N-アセチルガラクトサミン、シアル酸ならびにそれらの複合体および誘導体）の他、分解された多糖、糖タンパク質、プロテオグリカン、グリコサミノグリカン、糖脂質などの複合生体分子から分解または誘導された糖鎖など広範囲なものが挙げられるがそれらに限定されない。したがって、本明細書では、糖鎖は、「多糖（ポリサッカリド）」、「糖質」、「炭水化物」と互換可能に使用され得る。また、特に言及しない場合、本明細書において「糖鎖」は、糖鎖および糖鎖含有物質の両方を包含する。

## 【0042】

あるアミノ酸を、同様の疎水性指数を有する他のアミノ酸により置換して、そして依然として同様の生物学的機能を有するタンパク質（例えば、酵素活性において等価なタンパク質）を生じさせ得ることが当該分野で周知である。このようなアミノ酸置換において、疎水性指数が±2以内であることが好ましく、±1以内であることがより好ましく、および±0.5以内であることがさらにより好ましい。疎水性に基づくこのようなアミノ酸の置換は効率的であることが当該分野において理解される。親水性指標もまた、改変体作製において考慮される。米国特許第4、554、101号に記載されるように、以下の親水性指数がアミノ酸残基に割り当てられている：アルギニン（+3.0）；リジン（+3.0）；アスパラギン酸（+3.0±1）；グルタミン酸（+3.0±1）；セリン（+0.3）；アスパラギン（+0.2）；グルタミン（+0.2）；グリシン（0）；スレオニン（-0.4）；プロリン（-0.5±1）；アラニン（-0.5）；ヒスチジン（-0.5）；システイン（-1.0）；メチオニン（-1.3）；バリン（-1.5）；ロイシン（-1.8）；イソロイシン（-1.8）；チロシン（-2.3）；フェニルアラニン（-2.5）；およびトリプトファン（-3.4）。アミノ酸が同様の親水性指数を有しかつ依然として生物学的等価体を与え得る別のものに置換され得ることが理解される。このようなアミノ酸置換において、親水性指数が±2以内であることが好ましく、±1以内であることがより好ましく、および±0.5以内であることがさらにより好ましい。

## 【0043】

本発明において、「保存的置換」とは、アミノ酸置換において、元のアミノ酸と置換されるアミノ酸との親水性指数または／および疎水性指数が上記のように類似している置換をいう。保存的置換の例は、当業者に周知であり、例えば、次の各グループ内の置換：アルギニンおよびリジン；グルタミン酸およびアスパラギン酸；セリンおよびスレオニン；グルタミンおよびアスパラギン；ならびにバリン、ロイシン、およびイソロイシン、などが挙げられるがこれらに限定されない。

## 【0044】

本明細書において、「改変体」とは、もとのポリペプチドまたはポリヌクレオチドなどの物質に対して、一部が変更されているものをいう。そのような改変体としては、置換改変体、付加改変体、欠失改変体、短縮（truncated）改変体、対立遺伝子変異体などが挙げられる。対立遺伝子（allele）とは、同一遺伝子座に属し、互いに区別される遺伝的改変体のことをいう。従って、「対立遺伝子変異体」とは、ある遺伝子に対して、対立遺伝子の関係にある改変体をいう。「種相同体またはホモログ（homolog）」とは、ある種の中で、ある遺伝子とアミノ酸レベルまたはヌクレオチドレベルで、

相同性（好ましくは、60%以上の相同性、より好ましくは、80%以上、85%以上、90%以上、95%以上の相同性）を有するものをいう。そのような種相同体を取得する方法は、本明細書の記載から明らかである。「オルソログ（ortholog）」とは、オルソロガス遺伝子（orthologous gene）ともいい、二つの遺伝子がある共通祖先からの種分化に由来する遺伝子をいう。例えば、多重遺伝子構造をもつヘモグロビン遺伝子ファミリーを例にとると、ヒトとマウスの $\alpha$ ヘモグロビン遺伝子はオルソログであるが、ヒトの $\alpha$ ヘモグロビン遺伝子と $\beta$ ヘモグロビン遺伝子はパラログ（遺伝子重複で生じた遺伝子）である。オルソログは、分子系統樹の推定に有用であることから、本発明のオルソログもまた、本発明において有用であり得る。

#### 【0045】

「保存的（に改変された）改変体」は、アミノ酸配列および核酸配列の両方に適用される。特定の核酸配列に関して、保存的に改変された改変体とは、同一のまたは本質的に同一のアミノ酸配列をコードする核酸をいい、核酸がアミノ酸配列をコードしない場合には、本質的に同一な配列をいう。遺伝コードの縮重のため、多数の機能的に同一な核酸が任意の所定のタンパク質をコードする。例えば、コドンGCA、GCC、GCG、およびGCUはすべて、アミノ酸アラニンをコードする。したがって、アラニンがコドンにより特定される全ての位置で、そのコドンは、コードされたポリペプチドを変更することなく、記載された対応するコドンの任意のものに変更され得る。このような核酸の変動は、保存的に改変された変異の1つの種である「サイレント改変（変異）」である。ポリペプチドをコードする本明細書中のすべての核酸配列はまた、その核酸の可能なすべてのサイレント変異を記載する。当該分野において、核酸中の各コドン（通常メチオニンのための唯一のコドンであるAUG、および通常トリプトファンのための唯一のコドンであるTGGを除く）が、機能的に同一な分子を産生するために改変され得ることが理解される。したがって、ポリペプチドをコードする核酸の各サイレント変異は、記載された各配列において暗黙に含まれる。好ましくは、そのような改変は、ポリペプチドの高次構造に多大な影響を与えるアミノ酸であるシステインの置換を回避するようになされ得る。

#### 【0046】

本明細書中において、機能的に等価なポリペプチドをコードする遺伝子を含むBACベクターを作製するために、アミノ酸の置換のほかに、アミノ酸の付加、欠失、または修飾もまた行うことができる。アミノ酸の置換とは、もとのペプチドを1つ以上、例えば、1～10個、好ましくは1～5個、より好ましくは1～3個のアミノ酸で置換することをいう。アミノ酸の付加とは、もとのペプチド鎖に1つ以上、例えば、1～10個、好ましくは1～5個、より好ましくは1～3個のアミノ酸を付加することをいう。アミノ酸の欠失とは、もとのペプチドから1つ以上、例えば、1～10個、好ましくは1～5個、より好ましくは1～3個のアミノ酸を欠失させることをいう。アミノ酸修飾は、アミド化、カルボキシル化、硫酸化、ハロゲン化、アルキル化、グリコシル化、リン酸化、水酸化、アシル化（例えば、アセチル化）などを含むが、これらに限定されない。置換、または付加されるアミノ酸は、天然のアミノ酸であってもよく、非天然のアミノ酸、またはアミノ酸アナログでもよい。天然のアミノ酸が好ましい。

#### 【0047】

本明細書において使用されるポリペプチドの核酸形態は、そのポリペプチドのタンパク質形態を発現し得る核酸分子をいう。この核酸分子は、発現されるポリペプチドが天然型のポリペプチドと実質的に同一の活性を有する限り、上述のようにその核酸の配列の一部が欠失または他の塩基により置換されていてもよく、あるいは他の核酸配列が一部挿入されていてもよい。あるいは、5'末端および／または3'末端に他の核酸が結合していてもよい。また、ポリペプチドをコードする遺伝子をストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、そのポリペプチドと実質的に同一の機能を有するポリペプチドをコードする核酸分子でもよい。このような遺伝子は、当該分野において公知であり、本発明において利用することができる。

#### 【0048】

このような核酸は、周知のPCR法により得ることができ、化学的に合成することもできる。これらの方法に、例えば、部位特異的変位誘発法、ハイブリダイゼーション法などを組み合わせてもよい。

#### 【0049】

本明細書において、ポリペプチドまたはポリヌクレオチドの「置換、付加または欠失」とは、もとのポリペプチドまたはポリヌクレオチドに対して、それぞれアミノ酸もしくはその代替物、またはヌクレオチドもしくはその代替物が、置き換わること、付け加わることまたは取り除かることをいう。このような置換、付加または欠失の技術は、当該分野において周知であり、そのような技術の例としては、部位特異的変異誘発技術などが挙げられる。置換、付加または欠失は、1つ以上であれば任意の数でよく、そのような数は、その置換、付加または欠失を有する改変体において目的とする機能が保持される限り、多くすることができる。例えば、そのような数は、1または数個であり得、そして好ましくは、全体の長さの20%以内、10%以内、または100個以下、50個以下、25個以下などであり得る。

#### 【0050】

高分子構造（例えば、ポリペプチド構造）は種々のレベルの構成に関する記述され得る。この構成の一般的な議論については、例えば、Albertsら、Molecular Biology of the Cell（第3版、1994）、ならびに、CantorおよびSchimmel、Biophysical Chemistry Part I: The Conformation of Biological Macromolecules（1980）を参照。本発明において利用され得る一般的な分子生物学的手法としては、Ausubel F. A. ら編（1988）、Current Protocols in Molecular Biology、Wiley、New York、NY；Sambrook J. ら（1987）Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2nd Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NYなどを参照して当業者であれば容易に実施をすることができる。

#### 【0051】

本明細書において遺伝子について言及する場合、「ベクター」とは、目的のポリヌクレオチド配列を目的の細胞へと移入させることができるものをいう。そのようなベクターとしては、原核生物細胞、酵母、動物細胞、植物細胞、昆虫細胞、動物個体および植物個体等の宿主細胞において自律複製が可能であるか、または染色体中への組込みが可能で、本発明のポリヌクレオチドの転写に適した位置にプロモーターを含有しているものが例示される。

#### 【0052】

「BACベクター」とは、大腸菌のFプラスミドをもとにして作製されたプラスミドで、約300kb以上の巨大なサイズのDNA断片を大腸菌などの細菌内で安定に保持し増殖させが可能なベクターである。BACベクターは、少なくともBACベクターの複製に必須の領域を含む。その複製に必須の領域としては、例えば、Fプラスミドの複製開始点であるoriSまたはその改変体が挙げられる。

#### 【0053】

本明細書において「BACベクター配列」とは、BACベクターとしての機能に必須の配列を含む配列をいう。必要に応じて、BACベクター配列は、「組換えタンパク質依存性組換え配列」および／または「選択マーカー」をさらに含み得る。

#### 【0054】

本明細書において核酸の「組換え」とは、用語「相同組換え」と互換可能に使用され、2つの異なる相同的な核酸分子の会合によって開始し、乗り換えが起こり、核酸の新しい組み合わせが生じることをいう。本明細書において使用する場合、相同組換えには、「組換えタンパク質依存的組換え」および「組換えタンパク質非依存的組換え」の両方が含まれる。「組換えタンパク質依存的組換え」とは、組換えタンパク質存在下において生じるが

、組換えタンパク質非存在下では生じない、相同組換えをいう。「組換えタンパク質非依存的組換え」とは、組換えタンパク質の存在の有無に関わらずに生じる、相同組換えをいう。本明細書において「組換えタンパク質依存性組換え配列」とは、組換えタンパク質依存的組換えを生じる配列をいい、「組換えタンパク質非依存性組換え配列」とは、組換えタンパク質非依存的組換えを生じる配列をいう。組換えタンパク質依存性組換え配列は、組換えタンパク質存在下では、組換えを生じるが、組換えタンパク質非存在下では、組換えを生じない。組換えタンパク質は、好ましくは、組換えタンパク質依存性組換え配列に特異的に作用し、組換えタンパク質依存性組換え配列以外の配列には作用しない。

### 【0055】

代表的な組換えタンパク質依存性組換え配列と、組換えタンパク質との対としては、以下が挙げられるが、これらに限定されない：バクテリオファージP1由来の1o x P (locus of crossover of P1) 配列とCre (cyclization recombination) タンパク質との組み合わせ、F1pタンパク質とFR T部位との組み合わせ、φC31とattB, attPとの組み合わせ (Thorpe, Helena M. ; Wilson, Stuart E. ; Smith, Margaret C. M. , Control of directionality in the site-specific recombination system of the Streptomyces phage φC31. , Molecular Microbiology (2000), 38 (2), 232-241.) 、リソルバーゼとres部位との組み合わせ (Sadowski P. , Site-specific recombinases: changing partners and doing the twist. J. Bacteriol., 1986年2月; 165 (2) 341-7) (一般的には、Sauer B. Site-specific recombination: developments and applications . , Curr Opin Biotechnol. 1994 Oct; 5 (5) : 521-7. を参照のこと)。

### 【0056】

本明細書において使用する場合、「選択マーカー」とは、BACベクターを含む宿主細胞を選択する指標として機能する遺伝子をいう。選択マーカーとしては、蛍光マーカー、発光マーカー、および薬剤選択マーカーが挙げられるが、これらに限定されない。「蛍光マーカー」としては、グリーン蛍光タンパク質 (GFP) のような蛍光タンパク質をコードする遺伝子が挙げられるが、これらに限定されない。「発光マーカー」としては、ルシフェラーゼのような発光タンパク質をコードする遺伝子が挙げられるが、これらに限定されない。「薬剤選択マーカー」としては、以下からなる群から選択されるタンパク質をコードする遺伝子が挙げられるが、これらに限定されない：ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子、グルタミンシンセターゼ遺伝子、アスパラギン酸トランスアミナーゼ、メタロチオネイン (MT) 、アデノシンデアミナーゼ (ADA) 、アデノシンデアミナーゼ (AMPD1, 2) 、キサンチンーグアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ、UMPシンターゼ、P-グリコプロテイン、アスパラギンシンテターゼ、およびオルニチンデカルボキシラーゼ。これら薬剤選択マーカーと使用される薬剤との組み合わせは、例えば、以下のとおりである：ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子 (DHFR) とメソトレキセート (MTX) との組み合わせ、グルタミンシンセターゼ (GS) 遺伝子とメチオニンスルホキシミン (Msx) との組み合わせ、アスパラギン酸トランスアミナーゼ (CAD) 遺伝子とN-ホスホンアセチル-L-アスパラギン酸 (N-phosphonacetyl-L-aspartate) (PALA) との組み合わせ、MT遺伝子とカドミウム (Cd<sup>2+</sup>) との組み合わせ、アデノシンデアミナーゼ (ADA) 遺伝子とアデノシン、アラノシン、2'-デオキシコホルマイシンとの組み合わせ、アデノシンデアミナーゼ (AMPD1, 2) 遺伝子とアデニン、アザセリン、コホルマイシンとの組み合わせ、キサンチンーグアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ遺伝子と、マイコフェノール酸との組み合わせ、UMPシンターゼ遺伝子と6-アザウリジン、ピラゾフラン (pyrazofuran) との組み

合わせ、P-グリコプロテイン (P-g p, MDR) 遺伝子と多剤薬剤との組み合わせ、アスパラギンシンテーゼ (AS) 遺伝子とβ-アスパルチルヒドロキサム酸またはアルビジイン (albizzin)との組み合わせ、オルニチンデカルボキシラーゼ (ODC) 遺伝子とα-ジフルオロメチル-オルニチン (DFMO)。

#### 【0057】

本明細書において使用する場合、「発現ベクター」は、構造遺伝子およびその発現を調節するプロモーターに加えて種々の調節エレメントが宿主の細胞中で作動し得る状態で連結されている核酸配列をいう。調節エレメントは、好ましくは、ターミネーター、薬剤耐性遺伝子（例えば、カナマイシン耐性遺伝子、ハイグロマイシン耐性遺伝子など）のような選択マーカーおよび、エンハンサーを含み得る。生物（例えば、植物）の発現ベクターのタイプおよび使用される調節エレメントの種類が、宿主細胞に応じて変わり得ることは、当業者に周知の事項である。植物の場合、本発明に用いる植物の発現ベクターはさらにT-DNA領域を有し得る。T-DNA領域は、特にアグロバクテリウムを用いてその植物を形質転換する場合に遺伝子の導入の効率を高める。

#### 【0058】

本明細書において使用する場合、「組換えベクター」とは、目的のポリヌクレオチド配列を目的の細胞へと移入させることができるベクターをいう。そのようなベクターとしては、原核細胞、酵母、動物細胞、植物細胞、昆虫細胞、動物個体および植物個体等の宿主細胞において自立複製が可能、または染色体中への組込みが可能で、本発明のポリヌクレオチドの転写に適した位置にプロモーターを含有しているものが例示される。

#### 【0059】

「ターミネーター」は、遺伝子のタンパク質をコードする領域の下流に位置し、DNAがmRNAに転写される際の転写の終結、poly A配列の付加に関与する配列である。ターミネーターは、mRNAの安定性に関与して遺伝子の発現量に影響を及ぼすことが知られている。ターミネーターとしては、CaMV 35Sターミネーター、ノパリン合成酵素遺伝子のターミネーター (T nos)、タバコPR1a遺伝子のターミネーターが挙げられるが、これに限定されない。

#### 【0060】

本明細書において用いられる「プロモーター」とは、遺伝子の転写の開始部位を決定し、またその頻度を直接的に調節するDNAのORF内の領域をいい、RNAポリメラーゼが結合して転写を始める塩基配列である。プロモーターの領域は、通常、推定タンパク質コード領域の第1エキソンの上流約2kb以内の領域であることが多いので、DNA解析用ソフトウェアを用いてゲノム塩基配列中のタンパク質コード領域を予測すれば、プロモータ領域を推定することはできる。推定プロモーター領域は、構造遺伝子ごとに変動するが、通常構造遺伝子の上流にあるが、これらに限定されず、構造遺伝子の下流にもあり得る。好ましくは、推定プロモーター領域は、第一エキソン翻訳開始点から上流約2kb以内に存在する。

#### 【0061】

本明細書において、本発明のプロモーターの発現が「構成的」であるとは、生物のすべての組織において、その生物の発生のいずれの段階にあってもほぼ一定の量で発現される性質をいう。具体的には、本明細書の実施例と同様の条件でノーザンプロット分析したとき、例えば、任意の時点で（例えば、2点以上（例えば、5日目および15日目））の同一または対応する部位のいずれにおいても、ほぼ同程度の発現量がみられるとき、本発明の定義上、発現が構成的であるという。構成的プロモーターは、通常の生育環境にある生物の恒常性維持に役割を果たしていると考えられる。これらの性質は、生物の任意の部分からRNAを抽出してノーザンプロット分析で発現量を分析することまたは発現されたタンパク質をウェスタンプロットにより定量することにより決定することができる。

#### 【0062】

「エンハンサー」は、目的遺伝子の発現効率を高めるために用いられ得る。動物細胞において使用する場合、エンハンサーとしては、SV40プロモーター内の上流側の配列を

含むエンハンサー領域が好ましい。エンハンサーは複数個用いられ得るが1個用いられてもよいし、用いなくともよい。

#### 【0063】

本明細書において使用する場合、「作動可能に連結された（る）」とは、所望の配列の発現（作動）がある転写翻訳調節配列（例えば、プロモーター、エンハンサーなど）または翻訳調節配列の制御下に配置されることをいう。プロモーターが遺伝子に作動可能に連結されるためには、通常、その遺伝子のすぐ上流にプロモーターが配置されるが、必ずしも隣接して配置される必要はない。

#### 【0064】

本発明において使用する場合、「形質転換」、「形質導入」および「トランスフェクション」は、特に言及しない限り互換可能に使用され、宿主細胞への核酸の導入を意味する。形質転換方法としては、宿主細胞にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法、パーティクルガン（遺伝子銃）を用いる方法、リン酸カルシウム法などの種々の周知の技術が挙げられる。

#### 【0065】

「形質転換体」とは、形質転換によって作製された細胞などの生命体の全部または一部をいう。形質転換体としては、原核細胞、酵母、動物細胞、植物細胞、昆虫細胞等が例示される。形質転換体は、その対象に依存して、形質転換細胞、形質転換組織、形質転換宿主などともいわれ、本明細書においてこれらの形態をすべて包含するが、特定の文脈において特定の形態を指し得る。

#### 【0066】

原核細胞としては、エシェリヒア属、セラチア属、バチルス属、ブレビバクテリウム属、コリネバクテリウム属、ミクロバクテリウム属、シュードモナス属等に属する原核細胞、例えば、Escherichia coli XL1-Blue、Escherichia coli XL2-Blue、Escherichia coli DH1、Escherichia coli MC1000、Escherichia coli K Y3276、Escherichia coli W1485、Escherichia coli JM109、Escherichia coli HB101、Escherichia coli No. 49、Escherichia coli W3110、Escherichia coli NY49、Escherichia coli BL21 (DE3)、Escherichia coli BL21 (DE3) pLysS、Escherichia coli HMS174 (DE3)、Escherichia coli HMS174 (DE3) pLysS、Serratia ficaria、Serratia fonticola、Serratia liquefaciens、Serratia marcescens、Bacillus subtilis、Bacillus amyloliquefaciens、Brevibacterium ammoniagenes、Brevibacterium impariophilum ATCC14068、Brevibacterium saccharolyticum ATCC14066、Corynebacterium glutamicum ATCC13032、Corynebacterium glutamicum ATCC14067、Corynebacterium glutamicum ATCC13869、Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870、Microbacterium ammoniaphilum ATCC15354、Pseudomonas sp. D-0110などが例示される。

#### 【0067】

動物細胞としては、ヒト・MRC-5細胞、ヒト・HEL細胞、ヒト・WI-38細胞、マウス・ミエローマ細胞、ラット・ミエローマ細胞、ヒト・ミエローマ細胞、マウス・ハイブリドーマ細胞、チャイニーズ・ハムスターの細胞であるCHO細胞、BHK細胞、アフリカミドリザル腎臓細胞、ヒト白血病細胞、HBT5637（特開昭63-2999）、ヒト大腸癌細胞株などを挙げることができる。マウス・ミエローマ細胞としては、ps

20、NSOなど、ラット・ミエローマ細胞としてはYB2/0など、ヒト胎児腎臓細胞としてはHEK293 (ATCC : CRL-1573) など、ヒト白血病細胞としてはB ALL-1など、アフリカミドリザル腎臓細胞としてはCOS-1、COS-7、Vero細胞、ヒト大腸癌細胞株としてはHCT-15などが例示される。

#### 【0068】

本明細書において「動物」は、当該分野において最も広義で用いられ、脊椎動物および無脊椎動物を含む。動物としては、哺乳綱、鳥綱、爬虫綱、両生綱、魚綱、昆虫綱、蠕虫綱などが挙げられるがそれらに限定されない。

#### 【0069】

本明細書において、生物の「組織」とは、細胞の集団であって、その集団において一定の同様の作用を有するものをいう。従って、組織は、臓器（器官）の一部であり得る。臓器（器官）内では、同じ働きを有する細胞を有することが多いが、微妙に異なる働きを有するものが混在することもあることから、本明細書において組織は、一定の特性を共有する限り、種々の細胞を混在して有していてもよい。

#### 【0070】

本明細書において、「器官（臓器）」とは、1つ独立した形態をもち、1種以上の組織が組み合わさって特定の機能を営む構造体を形成したものをいう。植物では、カルス、根、茎、幹、葉、花、種子、胚芽、胚、果実などが挙げられるがそれらに限定されない。動物では、胃、肝臓、腸、脾臓、肺、気管、鼻、心臓、動脈、静脈、リンパ節（リンパ管系）、胸腺、卵巣、眼、耳、舌、皮膚等が挙げられるがそれらに限定されない。

#### 【0071】

本明細書において、「トランスジェニック」とは、特定の遺伝子をある生物に組み込むことまたはそのような遺伝子が組み込まれた生物（例えば、植物または動物（マウスなど）を含む）をいう。

#### 【0072】

本発明の生物が、動物の場合、トランスジェニック生物は、マイクロインジェクション法（微量注入法）、ウィルスベクター法、ES細胞法（胚性幹細胞法）、精子ベクター法、染色体断片を導入する方法（トランスゾミック法）、エピゾーム法などを利用したトランスジェニック動物の作製技術を使用して作製することができる。そのようなトランスジェニック動物の作成技術は当該分野において周知である。

#### 【0073】

本明細書において使用される場合、「スクリーニング」とは、目的とするある特定の性質をもつ物質、あるいは宿主細胞またはウイルスなどを、特定の操作および／または評価方法で多数の候補から選抜することをいう。本発明では、所望の活性を有するスクリーニングによって得られたウイルスもまた、本発明の範囲内に包含されることが理解される。

#### 【0074】

本明細書において「チップ」または「マイクロチップ」は、互換可能に用いられ、多様の機能をもち、システムの一部となる超小型集積回路をいう。チップとしては、例えば、DNAチップ、プロテインチップ、細胞チップなどが挙げられるがそれらに限定されない。

#### 【0075】

本明細書において「アレイ」とは、1以上（例えば、1000以上）の標的物質を含む組成物（例えば、DNA、タンパク質、細胞）が整列されて配置されたパターンまたはパターンを有する基板（例えば、チップ）そのものをいう。アレイの中で、小さな基板（例えば、10×10mm上など）上にパターン化されているものはマイクロアレイというが、本明細書では、マイクロアレイとアレイとは互換可能に使用される。従って、上述の基板より大きなものにパターン化されたものでもマイクロアレイと呼ぶことがある。例えば、アレイはそれ自身固相表面または膜に固定されている所望の細胞のセットで構成される。アレイは好ましくは同一のまたは異なるウイルスを含む細胞を少なくとも $10^2$ 個、より好ましくは少なくとも $10^3$ 個、およびさらに好ましくは少なくとも $10^4$ 個、さらに

より好ましくは少なくとも $10^5$ 個を含む。これらの細胞は、好ましくは表面が $125 \times 80\text{ mm}$ 、より好ましくは $10 \times 10\text{ mm}$ 上に配置される。形式としては、96ウェルマイクロタイタープレート、384ウェルマイクロタイタープレートなどのマイクロタイタープレートの大きさのものから、スライドグラス程度の大きさのものが企図される。固定される標的物質を含む組成物は、1種類であっても複数種類であってもよい。そのような種類の数は、1個～スポット数までの任意の数であり得る。例えば、約10種類、約100種類、約500種類、約1000種類の標的物質を含む組成物が固定され得る。

#### 【0076】

基板のような固相表面または膜には、上述のように任意の数の標的物質（例えば、細胞のような生体分子）が配置され得るが、通常、基板1つあたり、 $10^8$ 個の生体分子まで、他の実施形態において $10^7$ 個の生体分子まで、 $10^6$ 個の生体分子まで、 $10^5$ 個の生体分子まで、 $10^4$ 個の生体分子まで、 $10^3$ 個の生体分子まで、または $10^2$ 個の生体分子までの個の生体分子が配置され得るが、 $10^8$ 個の生体分子を超える標的物質を含む組成物が配置されていてもよい。これらの場合において、基板の大きさはより小さいことが好ましい。特に、標的物質を含む組成物（例えば、細胞）のスポットの大きさは、単一の生体分子のサイズと同じ小さくあり得る（これは、 $1 - 2\text{ nm}$ の桁であり得る）。最小限の基板の面積は、いくつかの場合において基板上の生体分子の数によって決定される。

#### 【0077】

アレイ上には、生体分子の「スポット」が配置され得る。本明細書において「スポット」とは、標的物質を含む組成物の一定の集合をいう。本明細書において「スポットティング」とは、ある標的物質を含む組成物のスポットをある基板またはプレートに作製することをいう。スポットティングはどのような方法でも行うことができ、例えば、ピペットティングなどによって達成され得、あるいは自動装置で行うこともでき、そのような方法は当該分野において周知である。

#### 【0078】

本明細書において使用される用語「アドレス」とは、基板上のユニークな位置をいい、他のユニークな位置から弁別可能であり得るものとをいう。アドレスは、そのアドレスを伴うスポットとの関連づけに適切であり、そしてすべての各々のアドレスにおける存在物が他のアドレスにおける存在物から識別され得る（例えば、光学的）、任意の形状を探り得る。アドレスを定める形は、例えば、円状、橢円状、正方形、長方形であり得るか、または不規則な形であり得る。したがって、「アドレス」は、抽象的な概念を示し、「スポット」は具体的な概念を示すために使用され得るが、両者を区別する必要がない場合、本明細書においては、「アドレス」と「スポット」とは互換的に使用され得る。

#### 【0079】

各々のアドレスを定めるサイズは、とりわけ、その基板の大きさ、特定の基板上のアドレスの数、標的物質を含む組成物の量および／または利用可能な試薬、微粒子のサイズおよびそのアレイが使用される任意の方法のために必要な解像度の程度に依存する。大きさは、例えば、 $1 - 2\text{ nm}$ から数 $\text{cm}$ の範囲であり得るが、そのアレイの適用に一致した任意の大きさが可能である。

#### 【0080】

アドレスを定める空間配置および形状は、そのマイクロアレイが使用される特定の適用に適合するように設計される。アドレスは、密に配置され得、広汎に分散され得るか、または特定の型の分析物に適切な所望のパターンへとサブグループ化され得る。

#### 【0081】

本明細書において使用される場合、「支持体」とは、細胞、細菌、ウイルス、ポリヌクレオチドまたはポリペプチドを担持することができる物質をいう。支持体の材料としては、共有結合かまたは非共有結合のいずれかで、本発明において使用される細胞などに結合する特性を有するかまたはそのような特性を有するように誘導体化され得る、任意の固体材料が挙げられる。

**【0082】**

支持体として使用するための材料には、固体表面を形成し得る任意の物質が使用され得るが、例えば、ガラス、シリカ、シリコン、セラミック、二酸化珪素、プラスチック、金属（合金も含まれる）、天然および合成のポリマー（例えば、ポリスチレン、セルロース、キトサン、デキストラン、およびナイロン）以下が挙げられるがそれらに限定されない。好ましくは、支持体は、疎水性結合を行う部分を含む。支持体は、複数の異なる材料の層から形成されていてもよい。例えば、ガラス、石英ガラス、アルミナ、サファイア、フォルステライト、炭化珪素、酸化珪素、窒化珪素などの無機材料を使用できる。また、ポリエチレン、エチレン、ポリプロピレン、ポリイソブチレン、ポリエチレンテレフタレート、不飽和ポリエステル、含フッ素樹脂、ポリ塩化ビニル、ポリ塩化ビニリデン、ポリ酢酸ビニル、ポリビニルアルコール、ポリビニルアセタール、アクリル樹脂、ポリアクリロニトリル、ポリスチレン、アセタール樹脂、ポリカーボネート、ポリアミド、フェノール樹脂、尿素樹脂、エポキシ樹脂、メラミン樹脂、スチレン・アクリロニトリル共重合体、アクリロニトリルブタジエンスチレン共重合体、シリコーン樹脂、ポリフェニレンオキサイド、ポリスルホン等の有機材料を用いることができる。あるいは、支持体として、ニトロセルロース膜、P V D F 膜など、プロッティングに使用される膜を用いることもできる。

**【0083】**

本発明の水痘帯状疱疹ウイルスは、感染症の処置、予防、および／または治療のための薬学的組成物の成分としても使用することが可能である。

**【0084】**

本明細書において薬剤の「有効量」とは、その薬剤が目的とする薬効が発揮することができる量をいう。本明細書において、そのような有効量のうち、最小の濃度を最小有効量ということがある。そのような最小有効量は、当該分野において周知であり、通常、薬剤の最小有効量は当業者によって決定されているか、または当業者は適宜決定することができる。そのような有効量の決定には、実際の投与のほか、動物モデルなどを用いることも可能である。本発明はまた、このような有効量を決定する際に有用である。

**【0085】**

本明細書において「薬学的に受容可能なキャリア」は、医薬または動物薬のような農薬を製造するときに使用される物質であり、有効成分に有害な影響を与えないものをいう。そのような薬学的に受容可能なキャリアとしては、例えば、以下が挙げられるがそれらに限定されない：抗酸化剤、保存剤、着色料、風味料、および希釀剤、乳化剤、懸濁化剤、溶媒、フィラー、增量剤、緩衝剤、送達ビヒクル、賦形剤および／または農学的もしくは薬学的アジュバント。

**【0086】**

本発明の処置方法において使用される薬剤の種類および量は、本発明の方法によって得られた情報（例えば、疾患に関する情報）を元に、使用目的、対象疾患（種類、重篤度など）、患者の年齢、体重、性別、既往歴、投与される被検体の部位の形態または種類などを考慮して、当業者が容易に決定することができる。本発明のモニタリング方法を被検体（または患者）に対して施す頻度もまた、使用目的、対象疾患（種類、重篤度など）、患者の年齢、体重、性別、既往歴、および治療経過などを考慮して、当業者が容易に決定することができる。疾患状態をモニタリングする頻度としては、例えば、毎日一数ヶ月に1回（例えば、1週間に1回—1ヶ月に1回）のモニタリングが挙げられる。1週間—1ヶ月に1回のモニタリングを、経過を見ながら施すことが好ましい。

**【0087】**

本明細書において「指示書」は、本発明の治疗方法などを医師、患者など投与を行う人に対して記載したものである。この指示書は、本発明の医薬などを例えば、放射線治療直後または直前（例えば、24時間以内など）に投与することを指示する文言が記載されている。この指示書は、本発明が実施される国の監督官庁（例えば、日本であれば厚生労働省、米国であれば食品医薬品局（F D A）など）が規定した様式に従って作成され、その

監督官庁により承認を受けた旨が明記される。指示書は、いわゆる添付文書（packaged insert）であり、通常は紙媒体で提供されるが、それに限定されず、例えば、電子媒体（例えば、インターネットで提供されるホームページ、電子メール）のような形態でも提供され得る。

#### 【0088】

必要に応じて、本発明の治療では、2種類以上の薬剤が使用され得る。2種類以上の薬剤を使用する場合、類似の性質または由来の物質を使用してもよく、異なる性質または由来の薬剤を使用してもよい。このような2種類以上の薬剤を投与する方法のための疾患レベルに関する情報も、本発明の方法によって入手することができる。

#### 【0089】

本発明では、いったん類似の種類（例えば、ヒトに対するマウスなど）の生物、培養細胞、組織などに関し、ある特定の糖鎖構造の分析結果と、疾患レベルとが相關付けられた場合、対応する糖鎖構造の分析結果と、疾患レベルとが相關付けることができることは、当業者は容易に理解する。そのような事項は、例えば、動物培養細胞マニュアル、瀬野ら編著、共立出版、1993年などに記載され支持されており、本明細書においてこのすべての記載を援用する。

#### 【0090】

（本明細書において用いられる一般的技術）

本明細書において使用される技術は、そうではないと具体的に指示しない限り、当該分野の技術範囲内にある、糖鎖科学、マイクロフルイディクス、微細加工、有機化学、生化学、遺伝子工学、分子生物学、微生物学、遺伝学および関連する分野における周知慣用技術を使用する。そのような技術は、例えば、以下に列挙した文献および本明細書において他の場所において引用した文献においても十分に説明されている。

#### 【0091】

微細加工については、例えば、Campbell, S. A. (1996). The Science and Engineering of Microelectronic Fabrication, Oxford University Press; Zaut, P. V. (1996). Micromicroarray Fabrication: a Practical Guide to Semiconductor Processing, Semiconductor Services; Madou, M. J. (1997). Fundamentals of Microfabrication, CRC Press; Rai-Choudhury, P. (1997). Handbook of Microlithography, Micromachining, & Microfabrication: Microlithographyなどに記載されており、これらは本明細書において関連する部分が参考として援用される。

#### 【0092】

本明細書において用いられる分子生物学的手法、生化学的手法、微生物学的手法、糖鎖科学的手法は、当該分野において周知であり慣用されるものであり、例えば、Maniatis, T. et al. (1989). Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harborおよびその3rd Ed. (2001); Ausubel, F. M., et al. eds, Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons Inc., NY, 10158 (2000); Innis, M. A. (1990). PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, Academic Press; Innis, M. A. et al. (1995). PCR Strategies, Academic Press; Sninsky, J. J. et al. (1999). PCR Applications: Protocols for Functional Genomics, Academic Press; Gait, M. J. (1985). Oligonucleotide Synthesis: A Practical Approach

ach, IRL Press; Gait, M. J. (1990). Oligonucleotide Synthesis: A Practical Approach, IRL Press; Eckstein, F. (1991). Oligonucleotides and Analogues: A Practical Approach, IRL Press; Adams, R. L. et al. (1992). The Biochemistry of the Nucleic Acids, Chapman & Hall; Shabarova, Z. et al. (1994). Advanced Organic Chemistry of Nucleic Acids, Weinheim; Blackburn, G. M. et al. (1996). Nucleic Acid in Chemistry and Biology, Oxford University Press; Hermanson, G. T. (1996). Bioconjugate Techniques, Academic Press; Method in Enzymology 230, 242, 247, Academic Press, 1994; 別冊実験医学「遺伝子導入&発現解析実験法」羊土社、1997などに記載されており、これらは本明細書において関連する部分（全部であり得る）が参考として援用される。

#### 【0093】

##### (好ましい実施形態の説明)

以下に好ましい実施形態の説明を記載するが、この実施形態は本発明の例示であり、本発明の範囲はそのような好ましい実施形態に限定されないことが理解されるべきである。当業者はまた、以下のような好ましい実施例を参考にして、本発明の範囲内にある改変、変更などを容易に行うことができるが理解されるべきである。

#### 【0094】

1つの局面において、本発明は、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを提供する。好ましくは、この水痘帯状疱疹ウイルスは、そのゲノム配列中にBACベクター配列を含む。BACベクター配列を含む水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを構築することによって、BAC分子として細菌内において水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを取り扱うことが可能となる。使用されるBACベクター配列は、好ましくは、Fプラスミド由来の複製開始点を含むが、Fプラスミド由来の複製開始点以外の配列であってもよく、300kb以上の配列を細菌人工染色体として細菌細胞内において保持および増殖が可能である限り、任意の複製開始点を利用することができる。本発明のBACベクターは、細菌宿主細胞、好ましくは、大腸菌細胞において保持、および／または增幅することが可能である。好ましくは、このBACベクターの一部は、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内に挿入され、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを含むBACとして操作が可能になる。この水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを含むBACは、哺乳動物細胞に導入された場合、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを産生、増殖することができる。組換え水痘帯状疱疹ウイルスの宿主細胞としては、野生型水痘帯状疱疹ウイルス株が増殖し得る任意の哺乳動物細胞を使用することができる。好ましくは、この宿主細胞は、ヒト由来であり、限定されることはないが、例えば、ヒト・MRC-5細胞、ヒト・HEL細胞、ヒト・WI-38細胞である。

#### 【0095】

##### (水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを含むBACベクターの作製方法)

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと、BACベクターを用いて、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを含むBACベクターを作製するためには、相同組換えを用いる方法など、種々の周知の方法を使用することが可能である。

#### 【0096】

相同組換えを用いる方法としては、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同な配列を連結した環状BACベクター配列を有する核酸を用いる方法が挙げられる。

#### 【0097】

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同な配列を連結した環状BACベクター配列を有する核酸を用いる、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを含むBACベクターの作製方法は、代表的

には、（1）その核酸を、水痘带状疱疹ウイルスゲノムとともに、宿主内（例えば、ヒト株化細胞内）に導入し、（2）宿主細胞を培養して、環状BACベクター配列に連結された相同配列と、水痘带状疱疹ウイルスゲノム配列との間で相同組換えを起こし、（3）この相同組換えによって生じた、BACベクター配列を組み込んだ水痘带状疱疹ウイルスゲノム配列を含む宿主細胞を選択し、（4）その宿主細胞を培養して、環状ウイルスDNAを抽出する、という工程を包含する。

#### 【0098】

また、水痘带状疱疹ウイルスゲノムと、BAC配列を用いて、水痘带状疱疹ウイルスゲノムを含むBACを作製するためには、相同組換えを用いることなく、核酸の制限酵素断片を用いるなどの、種々の周知の方法を使用することも可能である。

#### 【0099】

水痘带状疱疹ウイルスゲノム内において、BACベクター配列を導入するための非必須領域は、以下の領域からなる群から選択される：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

#### 【0100】

好ましくは、この非必須領域は、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である。なぜなら、遺伝子11と遺伝子12は、水痘带状疱疹ウイルスゲノム上で連続する非必須遺伝子であるため、相同組換えのための核酸を設計しやすいからである。あるいは、BACベクター配列の一部は、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域に挿入されていてもよい。

#### 【0101】

本発明において使用されるBACベクター配列は、好ましくは、組換えタンパク質依存性組換え配列、および／または選択マーカーを含む。好ましくは、選択マーカー配列は薬剤選択マーカー、および／またはグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である。なぜなら、簡便に所望の遺伝子の存在を確認できるからである。

#### 【0102】

本発明において出発物質として使用される水痘帯状疱疹ウイルスは、野生株由来であっても、変異株由来であってもよい。好ましくは、出発物資としての水痘帯状疱疹ウイルスは、弱毒化されたウイルス、例えば、Okaワクチン株または遺伝子62に変異を有する水痘帯状疱疹ウイルスを用いる。弱毒化した水痘帯状疱疹ウイルスとしては、以下からなる群から選択される遺伝子62の変異の1つ、または2つ以上の変異の組み合わせを有するウイルスが挙げられる：

- (a) 2110番塩基がG；
- (b) 3100番塩基がG；
- (c) 3818番塩基がC；
- (d) 4006番塩基がG；
- (e) 1251番塩基がG；
- (f) 2226番塩基がG；
- (g) 3657番塩基がG；
- (h) 162番塩基がC；
- (i) 225番塩基がC；
- (j) 523番塩基がC；
- (k) 1565番塩基がC；
- (l) 1763番塩基がC；
- (m) 2652番塩基がC；
- (n) 4052番塩基がC；および
- (o) 4193番塩基がC。

#### 【0103】

本発明のさらなる局面において、上記ウイルスを製造するために使用されるベクター、および上記ウイルスの製造方法もまた提供される。本発明の別の局面において、上記ウイルスを含む薬学的組成物、およびワクチンの形態である薬学的組成物が提供される。

#### 【0104】

本明細書の組換え水痘帯状疱疹ウイルスは、ワクチンとして有用である。なぜなら、野生型ウイルスと同様の構造を有するタンパク質を多数含むからである。

#### 【0105】

本発明のさらなる局面において、本発明のワクチンを產生するためのベクターに変異を導入する方法が提供される。この方法は、以下の工程：該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該フラグメントは少なくとも1つの変異を有する、工程；該細菌宿主細胞を培養する工程；該培養した細菌宿主細胞から、BACベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する。上記方法においては、細菌宿主細胞内において、本発明のワクチンを產生するためのベクターと水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターとの間で相同組換が起こり、その結果、本発明のワクチンを產生するためのベクターが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメント上の変異を有する。

#### 【0106】

上記の方法において、ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程としては、エレクトロポーレーションなどの種々の周知の方法を使用することが可能である。同様にして、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターを細菌宿主細胞に導入することができる。また、このフラグメントに変異を導入する方法としては、PCRを用いる変異導入方法が周知であり、例えば、プルーフリーディング機能を有さない耐熱性ポリメラーゼを4つのスクレオチドの1つが少ない条件で用いることによって、ランダムに変異を導入することが可能である。また、変異塩基配列を有するプライマーを用いてPCRを行うことによって、所望の位置に所望の変異を導入することも可能である。この細菌細胞を培養することによって、本発明のワクチンを產生するためのベクターと水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターとの

間で相同組換えが起こり、その結果、本発明のワクチンを产生するためのベクターが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメント上の変異を有する。細菌宿主細胞からBACベクター配列を調製するためには、アルカリ法のような種々の周知の方法および市販のキットを使用することが可能である。

[0 1 0 7]

本発明の別の局面において、本発明のワクチンを產生するためのベクターに変異を導入するさらなる方法が提供される。この方法は、以下の工程：該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第1のフラグメントを含む第1のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第1のフラグメントは少なくとも1つの変異を有する、工程；水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第2のフラグメントを含む第2のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第2のフラグメントは少なくとも1つの変異を有し、そして該第2のフラグメントは該第1のフラグメントとは異なる、工程；該細菌宿主細胞を培養する工程；該培養した細菌宿主細胞から、B A Cベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する。

[0 1 0 8]

本発明の一つの局面において、本発明のワクチンを製造するために使用され得る核酸カセットが提供される。この核酸カセットは、好ましくは、細菌細胞内において水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第1のフラグメント、BACベクター配列、および細菌細胞内において水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第2のフラグメントを含む核酸カセットであって、ここで、該BAC配列の両端の各々がそれぞれ第1のフラグメントおよび第2のフラグメントと連結している。ここで、第1のフラグメントおよび第2のフラグメントは、好ましくは、少なくとも1kb、少なくとも1.5kb、少なくとも2kbである。この第1のフラグメントおよび第2のフラグメントは、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、好ましくは、少なくとも80%同一、少なくとも85%同一、少なくとも90%同一、少なくとも95%同一である。

[0 1 0 9]

好ましくは、この第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘带状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域由来であるか、以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも80%、85%、90%、95%同一である：

遺伝子 7 の ORF 内の領域、遺伝子 8 の ORF 内の領域、遺伝子 9 の ORF 内の領域、遺伝子 10 の ORF 内の領域、遺伝子 11 の ORF 内の領域、遺伝子 12 の ORF 内の領域、遺伝子 13 の ORF 内の領域、遺伝子 14 の ORF 内の領域、遺伝子 15 の ORF 内の領域、遺伝子 17 の ORF 内の領域、遺伝子 18 の ORF 内の領域、遺伝子 19 の ORF 内の領域、遺伝子 38 の ORF 内の領域、遺伝子 39 の ORF 内の領域、遺伝子 46 の ORF 内の領域、遺伝子 47 の ORF 内の領域、遺伝子 48 の ORF 内の領域、遺伝子 49 の ORF 内の領域、遺伝子 50 の ORF 内の領域、遺伝子 56 の ORF 内の領域、遺伝子 57 の ORF 内の領域、遺伝子 58 の ORF 内の領域、遺伝子 59 の ORF 内の領域、遺伝子 61 の ORF 内の領域、遺伝子 62 の ORF 内の領域、遺伝子 63 の ORF 内の領域、遺伝子 64 の ORF 内の領域、遺伝子 65 の ORF 内の領域、遺伝子 66 の ORF 内の領域、遺伝子 67 の ORF 内の領域、遺伝子 68 の ORF 内の領域、遺伝子 69 の ORF 内の領域、遺伝子 70 の ORF 内の領域、遺伝子 7 の ORF に隣接する領域、遺伝子 8 の ORF に隣接する領域、遺伝子 9 の ORF に隣接する領域、遺伝子 10 の ORF に隣接する領域、遺伝子 11 の ORF に隣接する領域、遺伝子 12 の ORF に隣接する領域、遺伝子 13 の ORF に隣接する領域、遺伝子 14 の ORF に隣接する領域、遺伝子 15 の ORF に隣接する領域、遺伝子 17 の ORF に隣接する領域、遺伝子 18 の ORF に隣接する領域、遺伝子 19 の ORF に隣接する領域、遺伝子 38 の ORF に隣接する領域、遺伝子 39 の ORF に隣接する領域、遺伝子 46 の ORF に隣接する領域、遺伝子 47 の ORF に隣接する領域、遺伝子 48 の ORF に隣接する領域、遺伝子 49 の ORF に隣接する領域、遺伝子 50 の ORF に隣接する領域、遺伝子 56 の ORF に隣接する領域、遺伝子

57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

#### 【0110】

好ましくは、この第1および第2のフラグメントは、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの異なる領域に由来する。この第1および第2のフラグメントは、各々独立して、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域由来であってもよい。好ましくは、相同組換えを制御し、そして所望の遺伝子を簡便に検出するために、BACベクター配列は組換えタンパク質依存性組換え配列、および／または選択マーカーを含む。この選択マーカーは薬剤選択マーカーであっても、グリーン蛍光タンパク質のような蛍光タンパク質をコードする遺伝子であってもよい。代表的には、このBACベクター配列は、配列番号2に記載の核酸配列を有し、核酸カセットは、配列番号2に記載の核酸配列を有する。

#### 【0111】

(変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルスの調製)

本発明の方法を用いて、変異導入した水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを有する変異型水痘帯状疱疹ウイルスを、簡便に調製することが可能である。

#### 【0112】

そのような変異導入は、例えば、以下の方法を用いて行うことができる：

大腸菌内に、(a) VZV-BAC-DNAプラスミド、および(b) 変異核酸として、任意の変異を有する水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの部分配列を持つシャトルベクターまたはPCR産物、を導入する。VZV-BAC-DNAプラスミドと、その変異核酸との間で組換えを起こすことによって、VZV-BAC-DNAプラスミドに変異を導入することができる。また、トランスポゾンを用いることによっても、ランダムに変異を導入することが可能である。そして変異が導入されたVZV-BAC-DNAプラスミドは、大腸菌内で容易に選択および増幅させることができる。そして、変異を持つVZV-BAC-DNAからウイルスを産出させることによって、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを得ることができる(Markus Wagner, TRENDS in Microbiology, Vol. 10, No. 7, 2002年7月)。その具体例を以下に挙げる：

(1) 変異核酸として、変異水痘帯状疱疹ウイルス遺伝子を含む温度感受性シャトルベクターを用いる場合；

第1に、シャトルベクターとVZV-BAC-DNAプラスミドを、第1の相同的領域を介して、組換えさせ、シャトルベクターとVZV-BAC-DNAプラスミドとが連結した、共挿入体を生じる。次に、シャトルベクターの複製オリジンが温度感受性であることから、シャトルプラスミドが除かれる。第2の組換え事象において、共挿入された部分が取り除かれる。第2の組換え事象が、第1の相同的領域を介して生じる場合、組換えに使用したVZV-BAC-DNAと同一の配列を有するプラスミドが生成される。これに対して、第2の組換え事象が、第1の相同領域とは異なる第2の相同領域を介して生じる場合、シャトルベクター上の変異を有する変異型VZV-BAC-DNAプラスミドが得られる。第1の相同領域と、第2の相同領域とがほぼ同じ長さである場合、第2の組換え事象が第2の相同領域で起こる確率は、第2の組換え事象が第1の相同領域で起こる確率とほぼ同じである。そのため、得られるVZV-BAC-DNAプラスミドの、約2分の1が組換えに用いた配列と同一の配列を有するプラスミドであり、約2分の1がシャトルベクターに導入した変異を有するプラスミドである。

(2) 直鎖状DNAフラグメントを用いる場合；

この方法では、例えば、プロファージRac由來のRECTの組換え機能を用いるか、またはバクテリオファージλ由來のredαβの組換え機能を利用し、直鎖状DNAフ

ラグメントを用いて、環状VZV-BAC-DNA分子に変異を導入する。具体的には、標的配列に隣接する選択マーカーおよび相同配列を含む直鎖状DNAフラグメントを、VZV-BAC-DNAとともに、相同組換えを生じ得る大腸菌に導入する。大腸菌内での直鎖状DNAの分解を避けるために、エクソヌクレアーゼ欠損の大腸菌を使用するか、またはバクテリオファージ由来のエクソヌクレアーゼ阻害剤であるred $\gamma$ (gamm)を発現させることが好ましい。直鎖状DNAは、その両端にVZV-BAC-DNAプラスミドと相同的な領域を有する。その相同的な領域を介して相同組換えを生じることによって、直鎖状DNAフラグメント内の所望の配列をVZV-BAC-DNA内に導入することができる。recET、またはred $\alpha\beta$ 組換え機能を使用する場合、これらの組換え機能は、25～50ヌクレオチド程度の長さの相同配列によって相同組換えを生じることから、recA媒介性相同組換えよりも、簡便に使用することができる。

### (3) トランスポゾンを用いる場合；

トランスポゾンエレメントが大腸菌内の核酸にランダムに挿入する機能を用いる。例えば、トランスポゾンエレメントとVZV-BAC-DNAを大腸菌に導入し、VZV-BAC-DNA内にランダムにトランスポゾンエレメントを挿入することによって、挿入変異を生じる。

### 【0113】

さらに、例えば、VZV-BAC-DNAのような組換え水痘帯状疱疹ウイルスを有する宿主細胞自体を、変異剤（例えば、ニトロソグアニジン）によって処置することによって、組換え水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内にランダムな変異を導入することも可能である。

### 【0114】

#### (処方)

本発明はまた、有効量の治療剤・予防剤の被験体への投与・接種による、疾患または障害（例えば、感染症）の処置および／または予防の方法を提供する。治療剤・予防剤は、薬学的に受容可能なキャリア型（例えば、滅菌キャリア）と組み合せた、本発明の組成物を意味する。

### 【0115】

治療剤・予防剤を、個々の患者の臨床状態（特に、治療剤・予防剤単独処置の副作用）、送達部位、投与方法、投与計画および当業者に公知の他の因子を考慮に入れ、医療実施基準（GMP=good medical practice）を遵守する方式で処方および投薬する。従って、本明細書において目的とする「有効量」は、このような考慮を行って決定される。

### 【0116】

一般的提案として、用量当たり、非経口的に投与される治療剤・予防剤の合計薬学的有効量は、患者体重の、約1 $\mu$ g/kg/日～10mg/kg/日の範囲にあるが、上記のようにこれは治療的裁量に委ねられる。さらに好ましくは、本発明の細胞生理活性物質について、この用量は、少なくとも0.01mg/kg/日、最も好ましくはヒトに対して約0.01mg/kg/日と約1mg/kg/日の間である。連続投与する場合、代表的には、治療剤・予防剤を約1 $\mu$ g/kg/時間～約50 $\mu$ g/kg/時間の投薬速度で1日に1～4回の注射かまたは連続皮下注入（例えばミニポンプを用いる）のいずれかにより投与する。静脈内用バッグ溶液もまた使用し得る。変化を観察するために必要な処置期間および応答が生じる処置後の間隔は、所望の効果に応じて変化するようである。

### 【0117】

治療剤・予防剤を、経口的、直腸内、非経口的、槽内（intracisternal）、臍内、腹腔内、局所的（粉剤、軟膏、ゲル、点滴剤、または経皮パッチによるなど）、口内あるいは経口または鼻腔スプレーとして投与し得る。「薬学的に受容可能なキャリア」とは、非毒性の固体、半固体または液体の充填剤、希釈剤、被包材または任意の型の処方補助剤をいう。本明細書で用いる用語「非経口的」とは、静脈内、筋肉内、腹腔内、胸骨内、皮下および関節内の注射および注入を含む投与の様式をいう。

**【0118】**

本発明の治療剤・予防剤はまた、徐放性システムにより適切に投与される。徐放性治療剤・予防剤の適切な例は、経口的、直腸内、非経口的、槽内（intracistema lly）、腔内、腹腔内、局所的（粉剤、軟膏、ゲル、点滴剤、または経皮パッチによるなど）、口内あるいは経口または鼻腔スプレーとして投与され得る。「薬学的に受容可能なキャリア」とは、非毒性の固体、半固体または液体の充填剤、希釈剤、被包材または任意の型の処方補助剤をいう。本明細書で用いる用語「非経口的」とは、静脈内、筋肉内、腹腔内、胸骨内、皮下および関節内の注射および注入を含む投与の様式をいう。

**【0119】**

非経口投与のために、1つの実施態様において、一般に、治療剤・予防剤は、それを所望の程度の純度で、薬学的に受容可能なキャリア、すなわち用いる投薬量および濃度でレシピエントに対して毒性がなく、かつ処方物の他の成分と適合するものと、単位投薬量の注射可能な形態（溶液、懸濁液または乳濁液）で混合することにより処方される。例えば、この処方物は、好ましくは、酸化、および治療剤・予防剤に対して有害であることが知られている他の化合物を含まない。

**【0120】**

一般に、治療剤・予防剤を液体キャリアまたは微細分割固体キャリアあるいはその両方と均一および緊密に接触させて処方物を調製する。次に、必要であれば、生成物を所望の処方物に成形する。好ましくは、キャリアは、非経口的キャリア、より好ましくはレシピエントの血液と等張である溶液である。このようなキャリアビヒクルの例としては、水、生理食塩水、リングル溶液およびデキストロース溶液が挙げられる。不揮発性油およびオレイン酸エチルのような非水性ビヒクルもまた、リポソームと同様に本明細書において有用である。

**【0121】**

キャリアは、等張性および化学安定性を高める物質のような微量の添加剤を適切に含有する。このような物質は、用いる投薬量および濃度でレシピエントに対して毒性がなく、このような物質としては、リン酸塩、クエン酸塩、コハク酸塩、酢酸および他の有機酸またはその塩類のような緩衝剤；アスコルビン酸のような抗酸化剤；低分子量（約10残基より少ない）ポリペプチド（例えば、ポリアルギニンまたはトリペプチド）；血清アルブミン、ゼラチンまたは免疫グロブリンのようなタンパク質；ポリビニルピロリドンのような親水性ポリマー；グリシン、グルタミン酸、アスパラギン酸またはアルギニンのようなアミノ酸；セルロースまたはその誘導体、ブドウ糖、マンノースまたはデキストリンを含む、单糖類、二糖類、および他の炭水化物；EDTAのようなキレート剤；マンニトールまたはソルビトールのような糖アルコール；ナトリウムのような対イオン；および／またはポリソルベート、ポロキサマーもしくはPEGのような非イオン性界面活性剤が挙げられる。

**【0122】**

治療的投与に用いられるべき任意の薬剤は、有効成分としてのウイルス以外の生物・ウイルスを含まない状態、すなわち、無菌状態であり得る。滅菌濾過膜（例えば0.2ミクロンメンブレン）で濾過することにより無菌状態は容易に達成される。一般に、治療剤・予防剤は、滅菌アクセスポートを有する容器、例えば、皮下用注射針で穿刺可能なストッパー付の静脈内用溶液バッグまたはバイアルに配置される。

**【0123】**

治療剤・予防剤は、通常、単位用量または複数用量容器、例えば、密封アンプルまたはバイアルに、水溶液または再構成するための凍結乾燥処方物として貯蔵される。凍結乾燥処方物の例として、10mlのバイアルに、滅菌濾過した1%（w/v）治療剤・予防剤水溶液5mlを充填し、そして得られる混合物を凍結乾燥する。凍結乾燥した治療剤・予防剤を、注射用静菌水を用いて再構成して注入溶液を調製する。

**【0124】**

本発明はまた、本発明の治療剤・予防剤の1つ以上の成分を満たした一つ以上の容器を

備える薬学的パックまたはキットを提供する。医薬品または生物学的製品の製造、使用または販売を規制する政府機関が定めた形式の通知が、このような容器に付属し得、この通知は、ヒトへの投与に対する製造、使用または販売に関する政府機関による承認を表す。さらに、治療剤・予防剤を他の治療用化合物と組み合わせて使用し得る。

#### 【0125】

本発明の治療剤・予防剤は、単独または他の治療剤・予防剤と組み合わせて投与され得る。本発明の治療剤・予防剤と組み合わせて投与され得る治療剤・予防剤としては、化学療法剤、抗生物質、ステロイドおよび非ステロイドの抗炎症剤、従来の免疫治療剤・予防剤、他のサイトカインおよび／または増殖因子が挙げられるが、これらに限定されない。組み合わせは、例えば、混合物として同時に；同時にまたは並行してだが別々に；あるいは経時的のいずれかで投与され得る。これは、組み合わされた薬剤が、治療用混合物として共に投与されるという提示、およびまた、組み合わされた薬剤が、別々にしかし同時に、例えば、同じ個体に別々の静脈ラインを通じて投与される手順を含む。「組み合わせて」の投与は、一番目、続いて二番目に与えられる化合物または薬剤のうち1つの別々の投与をさらに含む。

#### 【0126】

特定の実施態様において、本発明の治療剤・予防剤は、抗レトロウイルス薬剤、ヌクレオシド逆転写酵素インヒビター、非ヌクレオシド逆転写酵素インヒビター、および／またはプロテーアーゼインヒビターとの組み合わせで投与される。

#### 【0127】

さらなる実施態様において、本発明の治療剤・予防剤は、抗生物質と組み合わせて投与される。使用され得る抗生物質としては、アミノグリコシド系抗生物質、ポリエン系抗生物質、ペニシリン系抗生物質、セフェム系抗生物質、ペプチド系抗生物質、マクロライド系抗生物質、テトラサイクリン系抗生物質が挙げられるが、これらに限定されない。

#### 【0128】

さらなる実施態様において、本発明の治療剤・予防剤は、単独または抗炎症剤と組み合わせて投与される。本発明の治療剤・予防剤とともに投与され得る抗炎症剤としては、グルココルチコイドおよび非ステロイド抗炎症剤、アミノアリールカルボン酸誘導体、アリール酢酸誘導体、アリール酪酸誘導体、アリールカルボン酸、アリールプロピオン酸誘導体、ピラゾール、ピラゾロン、サリチル酸誘導体、チアジンカルボキサミド、e-アセトアミドカプロン酸、S-アデノシルメチオニン、3-アミノ-4-ヒドロキシ酪酸、アミキセトリン（amixetrine）、ベンダザック、ベンジドアミン、ブコローム、ジフェンピラミド、ジタゾール、エモル ファゾン、グアイアズレン、ナブメトン、ニメスリド、オルゴテイン、オキサセプロール、パラニリン、ペリゾキサル、ピフォキシム、プロキアゾン、プロキサゾール、およびテニダップが挙げられるが、これらに限定されない。

#### 【0129】

さらなる実施形態において、本発明の治療剤・予防剤は、他の治療レジメまたは予防レジメ（例えば、放射線治療）と組み合わせて投与される。

#### 【0130】

以下に実施例等により本発明を詳しく説明するが、本発明はこれらに限定されるものではない。

#### 【実施例1】

##### 【0131】

(組換え水痘帯状疱疹ウイルスの調製)

(1 : BACプラスミドの調製)

プラスミドPHA-2は、Markus WagnerおよびUlrich H. Kossinowski (Adlerら、(2000)、J. Virol 74: 6964-74) より分与されたものを使用した。組換えウイルスを作製するために、BACベクターの挿入箇所として、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子11ORFと遺伝子12ORFの間の領域を選択した。なぜなら、このような非必須領域への外来核酸の挿入は、水

痘帯状疱疹ウイルスの増殖に悪影響を与えるないと予想されたからである。

【0132】

水痘帶状疱疹ウイルスO k a株の遺伝子11ORFと遺伝子12ORFの断片を、水痘帶状疱疹ウイルスO k a親株ゲノムDNAを鑄型として、それぞれ、プライマーVZ11F（配列番号1）およびVZ11R（配列番号2）、ならびにプライマーVZ12F（配列番号3）およびVZ12R（配列番号4）を用いて増幅した。

【0133】

（2：組換えプラスミドの作製のために使用されるプライマーの調製）

【0134】

## 組換えプラスミドを生成するために使用したプライマー

【表 1】

プライマー	配列	産物(塩基対)およびプラスミド
VZ11F	5'-TATA <u>ACTAGT</u> GCGGCCGCTTACGAAAACGTGCATG-3' <i>Spe</i> I <i>Not</i> I	VZ ORF11(2652)      SK/VZ11-12
VZ11R	5'-CGCG <u>ACCTGGT</u> TTATTTACAAACTCCTTGTGG-3' <i>Sex</i> AI	
VZ12F	5'-GCGC <u>ACCAGGT</u> CTCTGTTAGACCTAAAAATTG-3' <i>Sex</i> AI	VZ ORF12(2164)      SK/VZ11-12
VZ12R	5'-TATA <u>GCGGCCGCTTTAATCTGGTTGTGGAAATG</u> -3' <i>Not</i> I	

表中、オリゴヌクレオチド配列中の制限酵素部位に、下線を附し、一方、斜字体の配列は、VZV配列中に存在しないさらなる塩基を示す。

### 【0135】

PCR産物である遺伝子11ORFと遺伝子12ORFの断片を、それぞれ、SpeI/SexAI、およびNotI/SexAIを用いて消化した。2つのPCR断片を、SpeIおよびNotIで消化されているpBluecript SK- (Stratagene)にクローニングした。得られたプラスミドを、SK/VZ11-12とした。

### 【0136】

プラスミドpHA-2を、PacIで消化し、そしてこの部位をT4DNAポリメラーゼでの処理によって平滑末端化した。このプラスミドを、SK/VZ11-12の平滑末端化されたSexAI部位にクローニングして、得られたプラスミドをpHA-2/VZ11-12(図1C)とした。

### 【0137】

#### (3：相同組換えによる組換えウイルスの調製)

作製したプラスミドpHA-2/VZ11-12は、選択マーカーとしてゲアニンホスホリボシルトランスクフェラーゼ(gpt)遺伝子を含んでいる。また、2つのloxP配列に挟まれたBACベクター配列を含んでいるため、Creリコンビナーゼを作用させることにより、loxP配列に挟まれたBACベクター配列を効率よく除去することが可能である。また、グリーン蛍光タンパク質(GFP)の蛍光によって、BACベクター配列を含むプラスミドが導入された細胞を容易に確認することが可能である。

### 【0138】

このプラスミドをNotI消化によって線状化した。0.2μgの線状化されたpHA-2/VZ11-12を、Nucleofection unit(Amaxa)を用いて、75cm<sup>2</sup>プラスチックフラスコ中でコンフルエントにまで培養されたHEL細胞中にエレクトロポレーションによりトランスフェクションした。トランスフェクションの1日後、トランスフェクションした細胞に、水痘帯状疱疹ウイルスOKa株を感染させた。

### 【0139】

50μMのマイコフェノール酸および200μMのキサンチンを用いてgpt遺伝子による組換えウイルスの選択を行った。HEL細胞に水痘帯状疱疹ウイルスによる典型的な細胞変性効果(CPE)が見られ、そのうちのいくつかは蛍光顕微鏡下でGFP発現を確認することができた。この結果は、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムにBACベクターが挿入され、そして、BACベクターに含まれるGFP遺伝子が発現していることを示す。

### 【0140】

#### (4：組換えウイルスの富化と大腸菌への導入)

組換えウイルスをgpt遺伝子によるマイコフェノール酸およびキサンチンによる薬剤選択と96ウェルプレートによる限界希釀法を用いることによって富化した。感染細胞から、ハート法(Hirt、(1967) J. M. Bio 26:365-9)により環状ウイルスDNAを抽出した。抽出したDNAを、ジーンパルサー(Bio-Rad社)を用いて、エレクトロポーレーション法(0.2cmキュベット、2.5kV)により大腸菌DH10Bに導入し、形質転換した。これを、17μg/mlのクロラムフェニコールを含む寒天上にて選択して、VZV-BAC-DNAを含む大腸菌を得た。

### 【0141】

#### (5：E. coliにおけるVZV-BAC-DNAプラスミドの安定性)

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを含むBACベクター(VZV-BAC-DNA)を含む大腸菌をLB培地で22～24時間培養し、その培養方法にて3回継代した。継代した中から5クローンを取り出し、その各々を、LB培地にて同様の方法で大量培養した。キット添付のプロトコルに従って、菌体より、NucleoBond PC 100キット(Macherey-Nagel社)を使用して、VZV-BAC-DNAを抽出した。得られた5つのクローンと元のVZV-BAC-DNAを、それぞれ制限酵素BamHIによって消化した。これらのアガロース電気泳動上の制限酵素パターンを図2に示す。これ

らの図では、元のVZV-BAC-DNA（図2、レーン6）と3回継代したVZV-BAC-DNA（図2、レーン1から5）は、同一の泳動パターンを示した。このことは、E. coli 中で、VZV-BAC-DNA プラスミドが安定であることを示す。

#### 【0142】

（6：VZV-BAC-DNAからのウイルスの产生）

75 cm<sup>2</sup> プラスチックフラスコ内でコンフルエントまで培養したHEL細胞に対して、1 μg のVZV-BAC-DNAをNucleofection unit (Amaxa社) を用いてトランスフェクションした。それらを2日後、75 cm<sup>2</sup> プラスチックフラスコ内でコンフルエントになるまで培養したHEL細胞に継代した。2～3日後に水痘帯状疱疹ウイルスによる典型的なCPEが観察された。またCPEが観察された細胞では、蛍光顕微鏡下でGFP遺伝子の発現が確認された。これにより、VZV-BAC-DNAを用いて、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを産出できたことが、確認された。産出された組換え水痘帯状疱疹ウイルスをrV01（図1D）とした。

#### 【0143】

（7：BACベクター配列の切り出し）

東京医科歯科大学川口寧氏によりCreリコンビナーゼを発現する組み換えアデノウイルス（AxCANCre）が分与された（Kanegaeら、(1995) Nucleic Acids Res 23:3816-21）。組み換えアデノウイルスをHEL細胞にMOI（感染多度）100で感染させた。ウイルスを2時間吸着させた後、PBS（-）で細胞を洗い、5% FCSを含むDMEM培地にて培養した。組み換え水痘ウイルスrV01を組み換えアデノウイルス感染24時間後にHEL細胞に重感染させた。対照を用いた実験により組み換えアデノウイルスによりCreリコンビナーゼが発現され、rV01のゲノムよりBACベクター配列が効率よく切り出されたことを確認した。得られた水痘ウイルスをrV02（図1、E）とした。DNAシークエンスの結果、rV02は、rV01からBACベクター配列が切り出されたものであることを確認した。

#### 【0144】

水痘帯状疱疹ウイルスOk株の感染細胞から抽出したDNA（図3、レーン1）と大腸菌由来のVZV-BAC-DNA（図3、レーン2）を制限酵素BamHIで消化した。そのアガロースゲル電気泳動パターンを図3に示す。VZV-BAC-DNAの泳動パターンはBACベクター配列の挿入により親株と比較して約8.1 kbpのBamHIフラグメントが消失し、約7.8 kbpと約9.2 kbpのBamHIフラグメントが追加されていた。また組み換え水痘ウイルスrV02感染細胞から抽出したDNA（図3、レーン3）の約8.2 kbp BamHIフラグメントは、BACベクター配列が切り出された際に残った片側のloxP配列のために、水痘ウイルス親株の約8.1 kbp BamHIフラグメントと比較すると、そのサイズが少しだきくなっている。

#### 【実施例2】

##### 【0145】

（組換え水痘帯状疱疹ウイルスの特徴付）

（1：組み換えウイルスの増殖性の比較）

水痘帯状疱疹ウイルスOk株と、得られた組み換え水痘帯状疱疹ウイルスrV02のHEL細胞での増殖性の比較をinfectious center assay法を用いて行った（Gomiら、(2002) J. Virol. 76:11447-59）。HEL細胞に感染させた水痘帯状疱疹ウイルスOk株、rV02株を感染後0から5日まで培養しトリプシンで採取した後、新しいHEL細胞に感染させ増殖性について比較した。その結果を図4に示す。図4に示すように、得られた組み換え水痘ウイルスrV02はin vitroにおいて水痘ウイルスOk株と同等の増殖能を示した。

#### 【実施例3】

##### 【0146】

（病原性の弱い変異型組み換え水痘帯状疱疹ウイルス株の作製）

本発明に従い、以下の方法を用いることによって、変異型組み換え水痘帯状疱疹ウイルス

を調製し、変異ウイルスの中から病原性の弱い変異水痘帯状疱疹ウイルス株を得ることが可能である。

#### 【0147】

##### (1：変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルスの調製)

変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルスの調製方法としては、例えば、変異遺伝子を含む核酸とVZV-BAC-DNAプラスミドとの間で相同組換えを起こすことによって、変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルスを調製する方法が挙げられる。VZV-BAC-DNAプラスミドと相同組換えを起こすために用いられる変異遺伝子は、ランダムな変異を有していても、部位特異的な変異を有していてもよい。これら各々を用いることによって、ランダムな変異を有する変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルスの集団、および部位特異的な変異を有する変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルスを得ることができる。以下、その各々についてより詳細に説明する。

#### 【0148】

##### (1. 1：ランダムな変異を有する変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルスの調製)

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62に変異を有するウイルスのいくつかが弱毒化ウイルスであることが公知である。そのため、本実施例においては、PCRを用いてランダムに変異を導入した遺伝子62を作製する。PCRを用いる変異導入方法は周知であり、例えば、プルーフリーディング機能を有さない耐熱性ポリメラーゼを4つのスクレオチドの1つが少ない条件で用いることによって、ランダムに変異を導入することができる。必要に応じて、変異型62遺伝子に薬剤耐性遺伝子のようなマーカー遺伝子を連結させてもよい。

#### 【0149】

このようにして調製された変異型遺伝子62を、実施例1（4：組換えウイルスの富化と大腸菌への導入）に従って、VZV-BAC-DNAプラスミドとともに大腸菌に導入した。そして、変異型配列62をVZV-BAC-DNAに対して相同組換えを起こさせる。その後、実施例1に記載の方法に従って、相同組換えを生じた水痘帯状疱疹ウイルスのDNAを単離し、大腸菌に導入し、相同組換えを起こしたVZV-BAC-DNAを含む大腸菌を得る。

#### 【0150】

得られた複数の大腸菌は、各々異なる変異を有する遺伝子62を含むVZV-BAC-DNAを有する。そこで、各大腸菌に含まれる変異型VZV-BAC-DNAにより產生される水痘帯状疱疹ウイルスの病原性の程度を、下記の（2：水痘帯状疱疹ウイルスの病原性の試験方法）を用いてスクリーニングする。

#### 【0151】

##### (1. 2：部位特異的変異を有する変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルスの調製)

所望の部位特異的変異を導入する方法も、当該分野において周知である。例えば、所望の変異を有するプライマーを用いてPCRを行い、その所望の変異を有する遺伝子断片を調製し、その後、その変異遺伝子断片を用いて、さらにPCRを行うことによるか、または制限酵素などの酵素処理を行うことによって、所望の変異を有する遺伝子全長を調製する。

#### 【0152】

このようにして調製された変異遺伝子について、上記（1. 1.）の手順を用いて、部位特異的変異を有する変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルスを調製する。

#### 【0153】

##### (2：水痘帯状疱疹ウイルスの病原性の試験方法)

水痘帯状疱疹ウイルスの病原性を試験する方法について、2つの方法が確立されている。

#### 【0154】

動物モデルを用いる方法として、ヒトの皮膚を移植した重症複合免疫不全（SCID）マウスを作製し、これに水痘帯状疱疹ウイルスを感染させることによって、病原性につい

ての評価をする方法が周知である (J. Virol. 1998 Feb; 72 (2) : 965-74, )。

#### 【0155】

これに対し試験管内で病原性の評価を行う方法としては、ポアサイズが $3\text{ }\mu\text{m}$ のトランスウェルで仕切られた二層のウェルの下側に単層培養のヒトメラノーマ細胞を入れ、上側に水痘帯状疱疹ウイルスを感染させた臍帯血単核球 (CBMC) をそれぞれ入れ、7~8日培養した後のメラノーマ細胞のCPE (細胞変性効果) の程度を観察する方法もまた周知である (J. Virol. 2000 Feb; 74 (4) : 1864-70)。

#### 【0156】

また、病原性を直接確認する方法ではないが、本発明者らのこれまでの結果 (J. Virol. 2002 Nov; 76 (22) : 11447-59) から、ウイルスの病原性と増殖性には密接な関連があることが理解されているため、infectious center assayによってcell-to-cellの増殖性を調べることによっても間接的に病原性について評価を行うことができる。

#### 【実施例4】

##### 【0157】

###### (ワクチンの製造)

培養面積 $210\text{ cm}^2$ のルー瓶20本のMRC-5細胞培養に、実施例1で得た組換え水痘帯状疱疹ウイルスを接種の後、培養する。培養終了後、培養液を捨て、各ルー瓶内の感染細胞を $200\text{ ml}$ のPBS (-)にて2回洗浄する。次いで、 $20\text{ ml}$ の $0.03\text{ % (w/v)}$ EDTA-3Naを各ルー瓶内の感染細胞に重層し、細胞をルー瓶内壁面から剥離させ浮遊させる。各ルー瓶内の感染細胞浮遊液をプールし、 $2,000\text{ rpm}$ にて10分間、 $4\text{ }^\circ\text{C}$ で遠心し、感染細胞のペレットを採取する。これを $100\text{ ml}$ のPBS (-)に再浮遊の後、凍結融解を1回、行う。次に、氷水浴中で超音波処理 ( $20\text{ KHz}$ 、 $150\text{ mA}$ 、 $0.3\text{ 秒}/\text{ml}$ ) 後、 $3,000\text{ rpm}$ で20分間、 $4\text{ }^\circ\text{C}$ で遠心し、細胞遊離ウイルスを含有の上清を採取し、これを生ワクチン原液とする。この原液から検定用として $30\text{ ml}$ をサンプリングし、残りの原液 $70\text{ ml}$ に、PBS (-)に溶解したサッカロース及びゼラチン加水分解物をワクチン安定化剤として最終濃度が $5\text{ % (w/v)}$ 及び $2.5\text{ % (w/v)}$ になるよう添加混合し、 $140\text{ ml}$ の生ワクチン最終バルクを調製する。この最終バルクから検定用として $30\text{ ml}$ をサンプリングの後、残りバルクを $3\text{ ml}$ 容のバイヤル瓶に $0.5\text{ ml}$ ずつ分注し、凍結乾燥の後、窒素ガスを充填しゴム栓で封をしバイヤル瓶内部を気密密閉する。この生ワクチン小分品は、 $4\text{ }^\circ\text{C}$ で保存し、使用の直前に注射用蒸留水 $0.5\text{ ml}$ を添加し乾燥内容物を完全に溶解し用いる。一方、サンプリングした上記のワクチン原液と最終バルク、及び小分品20本につき、検定試験を行う。この検定試験は、安全性、有効性及び均質性を確認し、生ワクチンとしての適格性を確定するため、厚生省告示第195号に規定の生物学的製剤基準 (1989年) 「乾燥弱毒生水痘 ワクチン」に準拠し、かつ、同じく規定の基準「組換え沈降B型肝炎ワクチン (酵母由来)」をも考慮し、実施する。この検定試験の結果、上記の小分品は、そのウイルス含量が $2 \times 10^4\text{ PFU}$  (plaques forming units) / $0.5\text{ ml}$ であり、かつ、上記基準に規定の各種試験に合格した場合、適格性を備えた生ワクチンとしてその後の使用に供する。

#### 【実施例5】

##### 【0158】

###### (組換え水痘帯状疱疹ウイルスワクチンの免疫原性の判定)

実施例4で製造した組換え水痘帯状疱疹ウイルスワクチン株の免疫原性を、モルモットを用いて測定する。比較対照として、OKa株生ワクチンを使用する。これ等の各ワクチンを3週令の平均体重 $250\text{ g}$ のモルモット3匹にそれぞれ皮下接種する。ワクチン接種は、接種量が組換え株及びOKa株生ワクチンでは、 $3,000\text{ PFU}$ 又は $2,000\text{ PFU}/\text{モルモット}$ になるよう各ワクチンをPBS (-)で希釈調整して行う。ワクチン接種後、4、6及び8週目に、各被接種モルモットの大腿部静脈から部分採血し、その血中抗体価を測定する。抗体価の測定には、中和試験法 (Journal of Gene

ral Virology, 61, 255-269, 1982) を、採用する。組換え水痘帯状疱疹ウイルスワクチンがOka株と同程度に、VZV抗体を誘導することを確認する。これらの結果から、免疫原性が良好な組換え水痘帯状疱疹ウイルスワクチンを選択する。

#### 【0159】

以上のように、本発明の好ましい実施形態を用いて本発明を例示してきたが、本発明は、特許請求の範囲によってのみその範囲が解釈されるべきであることが理解される。本明細書において引用した特許、特許出願および文献は、その内容自体が具体的に本明細書に記載されているのと同様にその内容が本明細書に対する参考として援用されるべきであることが理解される。

#### 【産業上の利用可能性】

#### 【0160】

本発明によって、例えば、BAC（大腸菌人工染色体）を用い、単一のウイルス株から組換え水痘帯状疱疹ウイルスを作製する方法、およびその方法によって作製された組換え水痘帯状疱疹ウイルスが提供される。また、本発明によって、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを含む薬学的組成物がまた提供される。

#### 【0161】

さらに、本発明によって、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム遺伝子とBACベクター配列とを含むベクター、およびそのようなベクターを含む細胞、ならびに水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得るフラグメント、およびBACベクター配列を含む核酸カセットが提供される。

#### 【図面の簡単な説明】

#### 【0162】

【図1】図1は、水痘帯状疱疹ウイルスOka株ゲノムおよび組換え水痘帯状疱疹ウイルスの構築を模式的に示す図である。

#### 【0163】

VZVゲノム（A）は、約125kb長であり、末端反復（TR）DNAドメイン、特有の長い（UR）DNAドメイン、内部反復（IR）DNAドメイン、および特有の短い（US）DNAドメインからなる。組換えプラスミドPHA-2/VZV11-12（C）を構築するために、VZVゲノムのORF11フラグメントおよびORF12フラグメントを、適切なプライマーを使用し、PCR增幅によって作製した。この組換えプラスミドは、10xP部位と隣接する、約2.0kbの側方の相同性配列およびBACベクターを含んだ。BACクローニングVZV-rV01（D）を、組換えプラスミドPHA-2/VZV11-12およびVZVウイルスの相同組換えによって、HEL細胞中で作製した。環状BACクローニングゲノムを大腸菌に導入することによって、VZV-BACプラスミドを作製した。VZV-rV02（E）を、BACクローニングVZV-rV01および組換えアデノウイルス（AxCANC re）の重複感染によって、作製した。Lを囲む円は、10xP部位を表す。

【図2】図2は、大腸菌中でのVZV-BACプラスミドの安定性を示すデータである。

#### 【0164】

VZV-BACプラスミドを有する大腸菌を、3回継代し、最後に、クロラムフェニコールを含有するアガープレート上で選択した。そのうちの5クローニングについて培養し、DNAを抽出した。そしてBamHI消化およびゲル電気泳動によって分析した。5つ全てのクローニング（レーン1～5）を、元のVZV-BACプラスミド（レーン6）と比較した。その結果、アガロースゲル上で同一の制限酵素パターンが示された。これは、大腸菌中のVZVプラスミドの高い安定性を示した。分子サイズを、左に示す。

【図3】図3は、水痘帯状疱疹ウイルスOka株および組換え水痘帯状疱疹ウイルスのゲノムDNA制限酵素パターンを示す。感染細胞から抽出された水痘帯状疱疹ウイルスOka株DNA（レーン1）、大腸菌から単離されたVZV-BACプラスミド

DNA（レーン2）、および感染細胞から単離された組換え水痘帯状疱疹ウイルスrV02 DNA（レーン3）を示す。BAC配列の挿入の結果として生じるVZV BACプラスミドのフラグメント（レーン2）を、矢印で示す。組換え水痘帯状疱疹ウイルスrV02 DNAにおいて矢印で示されたフラグメントは、残った片側の10xP配列によって水痘帯状疱疹ウイルスOk a株DNA（レーン1）のものと比較して大きくなっている。分子サイズを、左に示す。

【図4】図4は、水痘帯状疱疹ウイルスOk a株（Parent）と組換え水痘帯状疱疹ウイルス（rV02）のインビトロでの増殖比較を示す。35mmディッシュのHEL細胞を、0.01PFU/細胞の多密度で、感染させ、次いで、感染細胞を洗浄し、感染から0～5日、トリプシンで処理した。このトリプシンで処理した細胞を、HEL細胞に感染させ、増殖能について調べた。感性細胞の数を、初期ウイルスタイマー/ディッシュに規格化し；倍数増加は、0日目において1個の感染細胞から伝播した感染細胞の数を示す。

#### 【配列表フリーテキスト】

##### 【0165】

配列番号1：VZ11Fプライマー

配列番号2：VZ11Rプライマー

配列番号3：VZ12Fプライマー

配列番号4：VZ12Rプライマー

配列番号5：遺伝子62の配列

配列番号6：遺伝子62の配列

配列番号7：プラスミドPHA-2の配列

配列番号8：水痘帯状疱疹ウイルスDumas株

配列番号9：配列番号8の1134位～1850位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子2）

配列番号10：配列番号8の8607位～9386位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子7）

配列番号11：配列番号8の10642位～10902位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子9A）

配列番号12：配列番号8の11009位～11917位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子9）

配列番号13：配列番号8の12160位～13392位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子10）

配列番号14：配列番号8の13590位～16049位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子11）

配列番号15：配列番号8の16214位～18199位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子12）

配列番号16：配列番号8の18441位～19346位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子13）

配列番号17：配列番号8の24149位～25516位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子17）

配列番号18：配列番号8の30759位～33875位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子21）

配列番号19：配列番号8の34083位～42374位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子22）

配列番号20：配列番号8の44506位～46263位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子26）

配列番号21：配列番号8の50857位～54471位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子29）

配列番号22：配列番号8の54651位～56963位に5'→3'方向でコードされ

るアミノ酸配列（遺伝子30）

配列番号23：配列番号8の57008位～59614位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子31）

配列番号24：配列番号8の59766位～60197位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子32）

配列番号25：配列番号8の64807位～65832位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子36）

配列番号26：配列番号8の66074位～68599位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子37）

配列番号27：配列番号8の70633位～71355位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子39）

配列番号28：配列番号8の71540位～75730位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子40）

配列番号29：配列番号8の75847位～76797位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子41）

配列番号30：配列番号8の78170位～80200位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子43）

配列番号31：配列番号8の80360位～81451位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子44）

配列番号32：配列番号8の82719位～83318位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子46）

配列番号33：配列番号8の84667位～86322位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子48）

配列番号34：配列番号8の87881位～90388位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子51）

配列番号35：配列番号8の90493位～92808位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子52）

配列番号36：配列番号8の95996位～98641位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子55）

配列番号37：配列番号8の110581位～111417位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子63）

配列番号38：配列番号8の111565位～112107位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子64）

配列番号39：配列番号8の113037位～114218位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子66）

配列番号40：配列番号8の114496位～115560位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子67）

配列番号41：配列番号8の115808位～117679位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子68）

配列番号42：配列番号8の120764位～124696位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子71）

配列番号43：配列番号8の部分配列（遺伝子27）

配列番号44：配列番号43の1位～999位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子27）

配列番号45：配列番号8の部分配列（遺伝子47）

配列番号46：配列番号45の1位～1530位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子47）

配列番号47：配列番号8の部分配列

配列番号48：配列番号47の1位～243位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子49）

配列番号 49：配列番号 8 の部分配列

配列番号 50：配列番号 49 の 1 位～732 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 56）

配列番号 51：配列番号 8 の配列の相補鎖配列

配列番号 52：配列番号 8 の 118480 位～119316 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 5569 位～6405 位に対応する）（遺伝子 70）

配列番号 53：配列番号 8 の 117790 位～118332 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 6553 位～7095 位に対応する）（遺伝子 69）

配列番号 54：配列番号 8 の 112332 位～112640 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 12245 位～12553 位に対応する）（遺伝子 65）

配列番号 55：配列番号 8 の 105201 位～109133 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 15752 位～19684 位に対応する）（遺伝子 62）

配列番号 56：配列番号 8 の 103082 位～104485 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 20400 位～21803 位に対応する）（遺伝子 61）

配列番号 57：配列番号 8 の 100302 位～101219 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 23666 位～24583 位に対応する）（遺伝子 59）

配列番号 58：配列番号 8 の 99411 位～99626 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 25259 位～25474 位に対応する）（遺伝子 57）

配列番号 59：配列番号 8 の 92855 位～93850 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 31035 位～32030 位に対応する）（遺伝子 53）

配列番号 60：配列番号 8 の 68668 位～70293 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 54592 位～56217 位に対応する）（遺伝子 38）

配列番号 61：配列番号 8 の 63977 位～64753 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 60132 位～60908 位に対応する）（遺伝子 35）

配列番号 62：配列番号 8 の 62171 位～63910 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 60975 位～62714 位に対応する）（遺伝子 34）

配列番号 63：配列番号 8 の 60321 位～62138 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 62747 位～64564 位に対応する）（遺伝子 33）

配列番号 64：配列番号 8 の 47052 位～50636 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 74249 位～77833 位に対応する）（遺伝子 28）

配列番号 65：配列番号 8 の 44148 位～44618 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 80267 位～80737 位に対応する）（遺伝子 25）

配列番号 66：配列番号 8 の 43212 位～44021 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 51 の 80864 位～81673 位に対応する）（遺伝子 24）

配列番号 67：配列番号 8 の 42431 位～43138 位に 3' → 5' 方向でコードされ

るアミノ酸配列（配列番号51の81747位～82454位に対応する）（遺伝子23）

配列番号68：配列番号8の29024位～30475位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の94410位～95861位に対応する）（遺伝子20）

配列番号69：配列番号8の26518位～28845位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の96040位～98367位に対応する）（遺伝子19）

配列番号70：配列番号8の25573位～26493位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の98392位～99312位に対応する）（遺伝子18）

配列番号71：配列番号8の22568位～23794位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の101091位～102317位に対応する）（遺伝子16）

配列番号72：配列番号8の21258位～22478位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の102407位～103627位に対応する）（遺伝子15）

配列番号73：配列番号8の19431位～21113位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の103772位～105454位に対応する）（遺伝子14）

配列番号74：配列番号8の9477位～10667位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の114218位～115408位に対応する）（遺伝子8）

配列番号75：配列番号8の5326位～8577位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の116308位～119559位に対応する）（遺伝子6）

配列番号76：配列番号8の4252位～5274位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の119611位～120633位に対応する）（遺伝子5）

配列番号77：配列番号8の2783位～4141位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の120744位～122102位に対応する）（遺伝子4）

配列番号78：配列番号8の1908位～2447位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の122438位～122977位に対応する）（遺伝子3）

配列番号79：配列番号8の589位～915位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の123970位～124296位に対応する）（遺伝子1）

配列番号80：配列番号51の部分配列

配列番号81：配列番号80の1位～1056位および4556位～5740位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の46847位～48034位および42292位～43347位に対応する）（遺伝子42および遺伝子45）

配列番号82：配列番号51の部分配列

配列番号83：配列番号82の1位～1305位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の123580位～124884位に対応する）（遺伝子50）

配列番号84：配列番号51の部分配列

配列番号85：配列番号84の1位～2307位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の122578位～124884位に対応する）（遺伝子54）

配列番号86：配列番号51の部分配列

配列番号87：配列番号86の1位～663位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の124222位～124884位に対応する）（遺伝子58）

配列番号88：配列番号51の部分配列

配列番号89：配列番号88の1位～427位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の124458位～124884位に対応する）（遺伝子60）

配列番号90：配列番号51の部分配列

配列番号 91：配列番号 90 の 1 位～903 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸  
配列（配列番号 51 の 60321 位～61229 位に対応する）（遺伝子 33.5）

## 【配列表】

## SEQUENCE LISTING

<110> The Research Foundation for Microbial Diseases of Osaka University

<120> Recombinant varicella-zoster virus

<130> J1-03392485

<160> 91

<170> PatentIn version 3.2

<210> 1

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> primer

<400> 1

tataactagt gcggccgctt acgaaaacgt gcatg

35

<210> 2

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> primer

<400> 2

cgcgaccctgg tttatttac aaactccttt gtgg

34

<210> 3

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> primer

<400> 3

gcgcaccagg tctctgttta gacctaaaa ttg

34

<210> 4  
<211> 34  
<212> DNA  
<213> Artificial

<220>  
<223> primer

<400> 4  
tatagcggcc gctttaatc tggtttgga aatg

34

<210> 5  
<211> 4226  
<212> DNA  
<213> Varicella zoster

<220>  
<221> CDS  
<222> (229)..(4158)

<400> 5  
atactatggt ccatgaactt cccgcctcga gtctcgcca atcactacat cgtcttatca 60  
ttaagaatat ttacacggtg acgacacggg gaggaaatat gcggtcgagg ggggggcaca 120  
acacgttta agtactgttgc aactccctc accaaccgca aycgcaatcc tttgaaggct 180  
gcgagagcgt ttggaaaact cggtacgta taaattcacc ccagygcg atg gat acg 237  
Met Asp Thr  
1

ccg ccg atg cag cgc tct aca ccc caa cgc gcg ggg tcg cct gat act 285  
Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser Pro Asp Thr  
5 10 15

ttg gag tta atg gac ctg ttg gac gcg gcc gcc gcg gcc gaa cac 333  
Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala Ala Glu His  
20 25 30 35

agg gcc cggtgt gtc acc tcg agt cag cct gac gat cta cta ttt gga 381  
Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu Leu Phe Gly  
40 45 50

gag aac ggg gtc atg gtg gga cggtgt gaa cat gag atc gtt tca att ccc 429  
Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val Ser Ile Pro  
55 60 65

tcc gta tcg gga ctt caa cca gaa ccc aga acg gaa gat gtt ggc gaa 477

Ser	Val	Ser	Gly	Leu	Gln	Pro	Glu	Pro	Arg	Thr	Glu	Asp	Val	Gly	Glu
70						75					80				
gag	cta	aca	caa	gac	gac	tac	gta	tgc	gag	gac	ggt	cag	gat	cta	ayg
Glu	Leu	Thr	Gln	Asp	Asp	Tyr	Val	Cys	Glu	Asp	Gly	Gln	Asp	Leu	Xaa
85						90					95				
ggc	tcg	cct	gta	atc	ccg	ctg	gcc	gag	gtc	ttc	cac	acc	cga	ttc	tcg
Gly	Ser	Pro	Val	Ile	Pro	Leu	Ala	Glu	Val	Phe	His	Thr	Arg	Phe	Ser
100						105				110			115		
gag	gcc	ggc	gcf	cga	gaa	cca	aca	gga	gcc	gat	cgc	tcc	ctc	gag	aca
Glu	Ala	Gly	Ala	Arg	Glu	Pro	Thr	Gly	Ala	Asp	Arg	Ser	Leu	Glu	Thr
120						125				130					
gtc	tct	ctc	gga	acg	aag	ctt	gct	agg	tct	cca	aaa	cca	ccg	atg	aac
Val	Ser	Leu	Gly	Thr	Lys	Leu	Ala	Arg	Ser	Pro	Lys	Pro	Pro	Met	Asn
135						140				145					
gat	ggg	gaa	acg	ggc	aga	ggt	acg	acc	cct	ccg	ttc	ccg	cag	gcc	ttc
Asp	Gly	Glu	Thr	Gly	Arg	Gly	Thr	Thr	Pro	Pro	Phe	Pro	Gln	Ala	Phe
150						155				160					
tcc	cct	gta	tcc	ccc	gcf	tct	cct	gtt	gga	gac	gcc	gcc	ggg	aac	gat
Ser	Pro	Val	Ser	Pro	Ala	Ser	Pro	Val	Gly	Asp	Ala	Ala	Gly	Asn	Asp
165						170				175					
caa	cgg	gaa	gac	cag	cgf	tct	ata	ccc	cga	caa	acg	acg	aga	gga	aat
Gln	Arg	Glu	Asp	Gln	Arg	Ser	Ile	Pro	Arg	Gln	Thr	Thr	Arg	Gly	Asn
180						185				190			195		
tca	cca	ggt	ttg	ccg	tcg	gtg	gtc	cat	cga	gac	aga	caa	act	cag	tcc
Ser	Pro	Gly	Leu	Pro	Ser	Val	Val	His	Arg	Asp	Arg	Gln	Thr	Gln	Ser
200						205				210					
atc	tcg	ggt	aaa	aag	ccg	ggc	gat	gag	caa	gcf	ggt	cat	gcf	cat	gca
Ile	Ser	Gly	Lys	Lys	Pro	Gly	Asp	Glu	Gln	Ala	Gly	His	Ala	His	Ala
215						220				225					
tcg	ggg	gac	gga	gta	gtt	ctc	cag	aaa	act	caa	cgg	ccc	gct	cag	gga
Ser	Gly	Asp	Gly	Val	Val	Leu	Gln	Lys	Thr	Gln	Arg	Pro	Ala	Gln	Gly
230						235				240					
aag	agc	ccg	aag	aaa	aag	act	ttg	aag	gtt	aag	gtc	cca	ctc	ccg	gcf
Lys	Ser	Pro	Lys	Lys	Thr	Leu	Lys	Val	Lys	Val	Pro	Leu	Pro	Ala	
245						250				255					
cgf	aaa	ccc	ggt	gga	cct	gta	ccc	ggc	ccg	gtt	gag	caa	ttg	tac	cac
Arg	Lys	Pro	Gly	Gly	Pro	Val	Pro	Gly	Pro	Val	Glu	Gln	Leu	Tyr	His
260						265				270			275		

gtc ctt tcg gac agc gtt ccc gct aag ggg gca aag gcg gac ctg ccg Val Leu Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Gly Ala Lys Ala Asp Leu Pro 280 285 290	1101
ttt gag acc gat gat acc cgc cca agg aaa cat gat gcc cggtt ata Phe Glu Thr Asp Asp Thr Arg Pro Arg Lys His Asp Ala Arg Gly Ile 295 300 305	1149
aca cct cgc gtc cct gga cgt tcg tcg ggg ggc aaa cct aga gcg ttt Thr Pro Arg Val Pro Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Pro Arg Ala Phe 310 315 320	1197
ttg gcc ctg ccg gga aga tcc cac gca cca gac ccg att gag gat gac Leu Ala Leu Pro Gly Arg Ser His Ala Pro Asp Pro Ile Glu Asp Asp 325 330 335	1245
agc ccg gtg gag aaa aag cca aag agt cgt gag ttt gtt tcg tct tca Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser Arg Glu Phe Val Ser Ser Ser 340 345 350 355	1293
tcc tct tcc tcg tcg tgg gga tcg tca tcg gag gat gaa gac gat gaa Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser Ser Glu Asp Glu Asp Asp Glu 360 365 370	1341
ccc cgg cgc gtt tcg gtg gga agt gaa act aca ggc agc agg tcc gga Pro Arg Arg Val Ser Val Gly Ser Glu Thr Thr Gly Ser Arg Ser Gly 375 380 385	1389
cgc gaa cac gcc cct tcc ccg tca aat tcg gat gat tcg gac tca aat Arg Glu His Ala Pro Ser Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asn 390 395 400	1437
gat ggt ggg tcg acg aaa caa aat atc caa ccg gga tat cga tcc atc Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr Arg Ser Ile 405 410 415	1485
agc ggt ccc gat ccg agg att cgt aag acc aaa cgt ctt gcg ggg gaa Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu Ala Gly Glu 420 425 430 435	1533
ccg ggg cgc cag aga cag aaa tca ttt tcc ctg ccg cga tcc aga acc Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg Ser Arg Thr 440 445 450	1581
ccg ata att ccc ccg gtg tcg ggg ccg ctc atg atg ccc gac gga agc Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro Asp Gly Ser 455 460 465	1629
cct tgg ccc gga tcg gcg ccc ctc cca tcc aac agg gtg cggtt gga	1677

Pro	Trp	Pro	Gly	Ser	Ala	Pro	Leu	Pro	Ser	Asn	Arg	Val	Arg	Phe	Gly	
	470					475						480				
ccg	tcc	ggg	gag	acc	aga	gag	ggt	cac	tgg	gag	gat	gag	gct	gtg	aga	1725
Pro	Ser	Gly	Glu	Thr	Arg	Glu	Gly	His	Trp	Glu	Asp	Glu	Ala	Val	Arg	
	485				490					495						
gca	gca	cg	g	ct	cg	ta	ga	cc	gg	cc	ct	ta				1773
Ala	Ala	Arg	Ala	Arg	Tyr	Glu	Ala	Ser	Thr	Glu	Pro	Xaa	Pro	Leu	Tyr	
	500			505				510				515				
gtg	ccg	gag	ttg	gga	gat	ccg	gct	aga	cag	tac	cgc	g	ctg	att	aac	1821
Val	Pro	Glu	Leu	Gly	Asp	Pro	Ala	Arg	Gln	Tyr	Arg	Ala	Leu	Ile	Asn	
	520				525				530							
ctg	atc	tac	tgt	cca	gac	aga	gac	cct	ata	gca	tgg	ctc	cag	aac	ccc	1869
Leu	Ile	Tyr	Cys	Pro	Asp	Arg	Asp	Pro	Ile	Ala	Trp	Leu	Gln	Asn	Pro	
	535			540				545								
aag	ctg	acc	ggt	gtc	aac	tcg	gcc	ctg	aac	cag	ttc	tac	caa	aag	ctg	1917
Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Asn	Ser	Ala	Leu	Asn	Gln	Phe	Tyr	Gln	Lys	Leu	
	550			555				560								
ttg	cca	ccg	gga	cg	g	cg	g	gt	ac	g	gg	ag	gt	gc	tct	1965
Leu	Pro	Pro	Gly	Arg	Ala	Gly	Thr	Ala	Val	Thr	Gly	Ser	Val	Ala	Ser	
	565			570				575								
ccc	gtt	ccg	cat	gt	gg	gaa	gg	at	gg	ac	gg	gg	cc	ct	tgg	2013
Pro	Val	Pro	His	Val	Gly	Glu	Ala	Met	Ala	Thr	Gly	Glu	Ala	Leu	Trp	
	580			585				590				595				
gct	ctc	ccc	cac	gc	gc	gc	gt	g	at	gc	cgt	cg	tg	ac		2061
Ala	Leu	Pro	His	Ala	Ala	Ala	Ala	Val	Ala	Met	Ser	Arg	Arg	Tyr	Asp	
	600			605				610								
cg	gc	ca	aa	ca	tt	at	ct	ca	ag	at	ct	cg	tg	ac		2109
Arg	Ala	Gln	Lys	His	Phe	Ile	Leu	Gln	Ser	Leu	Arg	Arg	Ala	Phe	Ala	
	615			620				625								
ggc	atg	gca	ta	cc	ga	gca	ac	gg	tc	at	cg	gc	gc	cg	at	2157
Gly	Met	Ala	Tyr	Pro	Glu	Ala	Thr	Gly	Ser	Ser	Pro	Ala	Ala	Arg	Ile	
	630			635				640								
tcc	cgc	ggt	ca	c	c	tct	cca	aca	acc	ccg	gc	aca	cag	act	ccc	2205
Ser	Arg	Gly	His	Pro	Ser	Pro	Thr	Thr	Pro	Ala	Thr	Gln	Thr	Pro	Asp	
	645			650				655								
cct	cag	ccg	tc	gc	gc	gc	tct	ctt	tct	gt	tgt	cc	cc	gat		2253
Pro	Gln	Pro	Ser	Ala	Ala	Ala	Arg	Ser	Leu	Ser	Val	Cys	Pro	Pro	Asp	
	660			665				670				675				

gat cgt tta cga act ccg cgc aag cgc aag tcc cag cca gtc gag agc Asp Arg Leu Arg Thr Pro Arg Lys Arg Ser Gln Pro Val Glu Ser 680 685 690	2301
aga agc ctc ctc gac aag att agg gag aca ccc gtc gcg gac gcc cg Arg Ser Leu Leu Asp Lys Ile Arg Glu Thr Pro Val Ala Asp Ala Arg 695 700 705	2349
gtt gca gac gat cat gtg gtt tcc aag gcc aag agg cg gta tcc gag Val Ala Asp Asp His Val Val Ser Lys Ala Lys Arg Arg Val Ser Glu 710 715 720	2397
ccc gtg acc atc acc tcg ggc cct gtg gtg gat ccc ccc gcc gta ata Pro Val Thr Ile Thr Ser Gly Pro Val Val Asp Pro Pro Ala Val Ile 725 730 735	2445
acg atg cca ctt gac gga ccg gcc cca aac ggg gga ttt cg cgt att Thr Met Pro Leu Asp Gly Pro Ala Pro Asn Gly Gly Phe Arg Arg Ile 740 745 750 755	2493
ccc cgg ggg gcc ctg cat acc ccg gtc ccg tcg gac cag gct cgc aag Pro Arg Gly Ala Leu His Thr Pro Val Pro Ser Asp Gln Ala Arg Lys 760 765 770	2541
gcg tac tgt acc ccc gaa acc atc gcc cgt ctg gtc gac gac cca ttg Ala Tyr Cys Thr Pro Glu Thr Ile Ala Arg Leu Val Asp Asp Pro Leu 775 780 785	2589
ttt ccc acg gcc tgg cgc cct gcg cta agc ttt gat ccc ggc gcc ttg Phe Pro Thr Ala Trp Arg Pro Ala Leu Ser Phe Asp Pro Gly Ala Leu 790 795 800	2637
gcg gaa atc gcc gct cgg cgt ccg ggc gga gga gac cga cgg ttt ggt Ala Glu Ile Ala Ala Arg Arg Pro Gly Gly Asp Arg Arg Phe Gly 805 810 815	2685
cca ccc agc gga gtg gag gcg ctg cga cgg agg tgc gcc tgg atg cgg Pro Pro Ser Gly Val Glu Ala Leu Arg Arg Arg Cys Ala Trp Met Arg 820 825 830 835	2733
cag atc cca gac ccg gag gat gtg agg ctt ctg atc atc tac gat ccg Gln Ile Pro Asp Pro Glu Asp Val Arg Leu Leu Ile Ile Tyr Asp Pro 840 845 850	2781
ttg ccc gga gag gac atc aac ggc ccc ctc gag agc acc ctc gcg aca Leu Pro Gly Glu Asp Ile Asn Gly Pro Leu Glu Ser Thr Leu Ala Thr 855 860 865	2829
gat ccg gga ccg tca tgg agt cca tcc cga ggg gga ctg tct gtg gtc	2877

Asp Pro Gly Pro Ser Trp Ser Pro Ser Arg Gly Gly Leu Ser Val Val			
870	875	880	
ctg gca gcc ctg agt aac cgg ttg tgc ctg ccg agc act cat gcc tgg			2925
Leu Ala Ala Leu Ser Asn Arg Leu Cys Leu Pro Ser Thr His Ala Trp			
885	890	895	
gcc ggg aac tgg acc ggc ccg gac gtg tcc gct ttg aac gcc cgg			2973
Ala Gly Asn Trp Thr Gly Pro Pro Asp Val Ser Ala Leu Asn Ala Arg			
900	905	910	915
ggc gtt tta tta ctg tcg acc cga gac ctg gcc ttt gcc ggg gcc gtc			3021
Gly Val Leu Leu Leu Ser Thr Arg Asp Leu Ala Phe Ala Gly Ala Val			
920	925	930	
gag tat cta ggc tcg cgg ttg gcc tct gcc cgg cgc cgg ttg ctg gtg			3069
Glu Tyr Leu Gly Ser Arg Leu Ala Ser Ala Arg Arg Arg Leu Leu Val			
935	940	945	
ttg gac gcg gtg gcc ctc gag agg tgg ccc ggg gat gga ccc gct ttg			3117
Leu Asp Ala Val Ala Leu Glu Arg Trp Pro Gly Asp Gly Pro Ala Leu			
950	955	960	
tct cag tat cac gtg tac gtc cgg gcc ccg gcg cga ccg gac gcc cag			3165
Ser Gln Tyr His Val Tyr Val Arg Ala Pro Ala Arg Pro Asp Ala Gln			
965	970	975	
gcc gtc gtc cga tgg cca gac tcg gcg gtc aca gaa gga ctc gcc cgg			3213
Ala Val Val Arg Trp Pro Asp Ser Ala Val Thr Glu Gly Leu Ala Arg			
980	985	990	995
gcc gtg ttt gca tcg tcg cgc acc ttt ggg cca gcg agt ttt gct			3258
Ala Val Phe Ala Ser Ser Arg Thr Phe Gly Pro Ala Ser Phe Ala			
1000	1005	1010	
cgt atc gag act gcg ttt gcc aac ctg tac ccg ggc gaa caa ccc			3303
Arg Ile Glu Thr Ala Phe Ala Asn Leu Tyr Pro Gly Glu Gln Pro			
1015	1020	1025	
ctg tgt ttg tgc cgc ggt ggg aac gtc gca tac acc gtg tgt acc			3348
Leu Cys Leu Cys Arg Gly Gly Asn Val Ala Tyr Thr Val Cys Thr			
1030	1035	1040	
cgc gcg ggc ccc aag acc cgc gtc ccc ctg tcg ccc cgt gaa tac			3393
Arg Ala Gly Pro Lys Thr Arg Val Pro Leu Ser Pro Arg Glu Tyr			
1045	1050	1055	
cgg cag tac gtg ctg ccg ggt ttt gac ggt tgc aag gac ctc gcg			3438
Arg Gln Tyr Val Leu Pro Gly Phe Asp Gly Cys Lys Asp Leu Ala			
1060	1065	1070	

cga cag tct cgg ggt	ctg ggg ctc ggg gca	gcc gac ttt gtg gac	3483
Arg Gln Ser Arg Gly	Leu Gly Leu Gly Ala	Ala Asp Phe Val Asp	
1075	1080	1085	
gag gcg gca cat agc	cac cgc gca gca aac	cga tgg ggc ctg ggt	3528
Glu Ala Ala His Ser	His Arg Ala Ala Asn	Arg Trp Gly Leu Gly	
1090	1095	1100	
gcc gcg ctt cga ccc	gtc ttc ctt ccc gag	gga cgg aga ccg ggg	3573
Ala Ala Leu Arg Pro	Val Phe Leu Pro Glu	Gly Arg Arg Pro Gly	
1105	1110	1115	
gcc gcc ggg ccg gag	gcc ggc gac gta ccc	acc tgg gcg agg gtg	3618
Ala Ala Gly Pro Glu	Ala Gly Asp Val Pro	Thr Trp Ala Arg Val	
1120	1125	1130	
ttt tgc cgc cac gcc	ctg ctg gaa ccc gac	cct gcc gcg gaa cca	3663
Phe Cys Arg His Ala	Leu Leu Glu Pro Asp	Pro Ala Ala Glu Pro	
1135	1140	1145	
ctc gtg ctt cca ccc	gtg gcc ggt cgg tcg	gtg gcg ctg tat gcg	3708
Leu Val Leu Pro Pro	Val Ala Gly Arg Ser	Val Ala Leu Tyr Ala	
1150	1155	1160	
tcg gcg gac gag gct	cgg aat gcc ctc ccc	ccg att ccc aga gta	3753
Ser Ala Asp Glu Ala	Arg Asn Ala Leu Pro	Pro Ile Pro Arg Val	
1165	1170	1175	
atg tgg ccg ccc ggt	ttt ggg gcc gcg gag	acg gtg ttg gag ggg	3798
Met Trp Pro Pro Gly	Phe Gly Ala Ala Glu	Thr Val Leu Glu Gly	
1180	1185	1190	
agc gac gga aca cgg	ttc gcg ttc gga cac	cac ggg ggc tcg gaa	3843
Ser Asp Gly Thr Arg	Phe Ala Phe Gly His	His Gly Gly Ser Glu	
1195	1200	1205	
cgg ccg gca gaa acc	cag gcg ggg cga cag	cgg cgc acc gca gac	3888
Arg Pro Ala Glu Thr	Gln Ala Gly Arg Gln	Arg Arg Thr Ala Asp	
1210	1215	1220	
gac aga gaa cac gct	ttg gag ccg gac gat	tgg gag gtg ggg tgt	3933
Asp Arg Glu His Ala	Leu Glu Pro Asp Asp	Trp Glu Val Gly Cys	
1225	1230	1235	
gaa gac gcg tgg gac	agc gag gag ggg ggc	ggg gac gac ggg gac	3978
Glu Asp Ala Trp Asp	Ser Glu Glu Gly Gly	Gly Asp Asp Gly Asp	
1240	1245	1250	
gca ccg ggg tca tcc	ttt ggg gtg agc gtc	gtg tcg gtg gcc ccg	4023

Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Val Val Ser Val Ala Pro			
1255	1260	1265	
ggt gtg ctg cga gac cgc cgg gtg ggc tyg cgc ccg gcg gtc aag			4068
Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Xaa Arg Pro Ala Val Lys			
1270	1275	1280	
gtg gag ctg ttg tcc tcg tcc tcg tcc tcc gag gac gag gac gat			4113
Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu Asp Asp			
1285	1290	1295	
gtg tgg gga ggg cgc ggg ggg agg agc ccc ccg cag agt cgg ggg			4158
Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser Arg Gly			
1300	1305	1310	
tgacggagtc ccctccttt ctcgtgagcg ccacyggcgc gcggactgtt tggtgttgt			4218
taataaaa			4226

<210> 6  
<211> 1310  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<220>  
<221> misc\_feature  
<222> (99)..(99)  
<223> The 'Xaa' at location 99 stands for Thr, or Met.

<220>  
<221> misc\_feature  
<222> (512)..(512)  
<223> The 'Xaa' at location 512 stands for Ala, or Val.

<220>  
<221> misc\_feature  
<222> (1275)..(1275)  
<223> The 'Xaa' at location 1275 stands for Ser, Leu, or Xaa.

<400> 6

Met Asp Thr Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser  
1 5 10 15

Pro Asp Thr Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala  
20 25 30

Ala Glu His Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu  
 35 40 45

Leu Phe Gly Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val  
 50 55 60

Ser Ile Pro Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr Glu Asp  
 65 70 75 80

Val Gly Glu Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu Asp Gly Gln  
 85 90 95

Asp Leu Xaa Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu Val Phe His Thr  
 100 105 110

Arg Phe Ser Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr Gly Ala Asp Arg Ser  
 115 120 125

Leu Glu Thr Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro  
 130 135 140

Pro Met Asn Asp Gly Glu Thr Gly Arg Gly Thr Thr Pro Pro Phe Pro  
 145 150 155 160

Gln Ala Phe Ser Pro Val Ser Pro Ala Ser Pro Val Gly Asp Ala Ala  
 165 170 175

Gly Asn Asp Gln Arg Glu Asp Gln Arg Ser Ile Pro Arg Gln Thr Thr  
 180 185 190

Arg Gly Asn Ser Pro Gly Leu Pro Ser Val Val His Arg Asp Arg Gln  
 195 200 205

Thr Gln Ser Ile Ser Gly Lys Lys Pro Gly Asp Glu Gln Ala Gly His  
 210 215 220

Ala His Ala Ser Gly Asp Gly Val Val Leu Gln Lys Thr Gln Arg Pro  
 225 230 235 240

Ala Gln Gly Lys Ser Pro Lys Lys Thr Leu Lys Val Lys Val Pro  
245 250 255

Leu Pro Ala Arg Lys Pro Gly Gly Pro Val Pro Gly Pro Val Glu Gln  
260 265 270

Leu Tyr His Val Leu Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Gly Ala Lys Ala  
275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Thr Asp Asp Thr Arg Pro Arg Lys His Asp Ala  
290 295 300

Arg Gly Ile Thr Pro Arg Val Pro Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Pro  
305 310 315 320

Arg Ala Phe Leu Ala Leu Pro Gly Arg Ser His Ala Pro Asp Pro Ile  
325 330 335

Glu Asp Asp Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser Arg Glu Phe Val  
340 345 350

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
355 360 365

Asp Asp Glu Pro Arg Arg Val Ser Val Gly Ser Glu Thr Thr Gly Ser  
370 375 380

Arg Ser Gly Arg Glu His Ala Pro Ser Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser  
385 390 395 400

Asp Ser Asn Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr  
405 410 415

Arg Ser Ile Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu  
420 425 430

Ala Gly Glu Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg  
 435 440 445

Ser Arg Thr Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro  
 450 455 460

Asp Gly Ser Pro Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val  
 465 470 475 480

Arg Phe Gly Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp Glu  
 485 490 495

Ala Val Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu Pro Xaa  
 500 505 510

Pro Leu Tyr Val Pro Glu Leu Gly Asp Pro Ala Arg Gln Tyr Arg Ala  
 515 520 525

Leu Ile Asn Leu Ile Tyr Cys Pro Asp Arg Asp Pro Ile Ala Trp Leu  
 530 535 540

Gln Asn Pro Lys Leu Thr Gly Val Asn Ser Ala Leu Asn Gln Phe Tyr  
 545 550 555 560

Gln Lys Leu Leu Pro Pro Gly Arg Ala Gly Thr Ala Val Thr Gly Ser  
 565 570 575

Val Ala Ser Pro Val Pro His Val Gly Glu Ala Met Ala Thr Gly Glu  
 580 585 590

Ala Leu Trp Ala Leu Pro His Ala Ala Ala Val Ala Met Ser Arg  
 595 600 605

Arg Tyr Asp Arg Ala Gln Lys His Phe Ile Leu Gln Ser Leu Arg Arg  
 610 615 620

Ala Phe Ala Gly Met Ala Tyr Pro Glu Ala Thr Gly Ser Ser Pro Ala  
 625 630 635 640

Ala Arg Ile Ser Arg Gly His Pro Ser Pro Thr Thr Pro Ala Thr Gln  
 645 650 655

Thr Pro Asp Pro Gln Pro Ser Ala Ala Arg Ser Leu Ser Val Cys  
 660 665 670

Pro Pro Asp Asp Arg Leu Arg Thr Pro Arg Lys Arg Lys Ser Gln Pro  
 675 680 685

Val Glu Ser Arg Ser Leu Leu Asp Lys Ile Arg Glu Thr Pro Val Ala  
 690 695 700

Asp Ala Arg Val Ala Asp Asp His Val Val Ser Lys Ala Lys Arg Arg  
 705 710 715 720

Val Ser Glu Pro Val Thr Ile Thr Ser Gly Pro Val Val Asp Pro Pro  
 725 730 735

Ala Val Ile Thr Met Pro Leu Asp Gly Pro Ala Pro Asn Gly Gly Phe  
 740 745 750

Arg Arg Ile Pro Arg Gly Ala Leu His Thr Pro Val Pro Ser Asp Gln  
 755 760 765

Ala Arg Lys Ala Tyr Cys Thr Pro Glu Thr Ile Ala Arg Leu Val Asp  
 770 775 780

Asp Pro Leu Phe Pro Thr Ala Trp Arg Pro Ala Leu Ser Phe Asp Pro  
 785 790 795 800

Gly Ala Leu Ala Glu Ile Ala Ala Arg Arg Pro Gly Gly Asp Arg  
 805 810 815

Arg Phe Gly Pro Pro Ser Gly Val Glu Ala Leu Arg Arg Arg Cys Ala  
 820 825 830

Trp Met Arg Gln Ile Pro Asp Pro Glu Asp Val Arg Leu Leu Ile Ile  
 835 840 845

Tyr Asp Pro Leu Pro Gly Glu Asp Ile Asn Gly Pro Leu Glu Ser Thr  
 850 855 860

Leu Ala Thr Asp Pro Gly Pro Ser Trp Ser Pro Ser Arg Gly Gly Leu  
 865 870 875 880

Ser Val Val Leu Ala Ala Leu Ser Asn Arg Leu Cys Leu Pro Ser Thr  
 885 890 895

His Ala Trp Ala Gly Asn Trp Thr Gly Pro Pro Asp Val Ser Ala Leu  
 900 905 910

Asn Ala Arg Gly Val Leu Leu Leu Ser Thr Arg Asp Leu Ala Phe Ala  
 915 920 925

Gly Ala Val Glu Tyr Leu Gly Ser Arg Leu Ala Ser Ala Arg Arg Arg  
 930 935 940

Leu Leu Val Leu Asp Ala Val Ala Leu Glu Arg Trp Pro Gly Asp Gly  
 945 950 955 960

Pro Ala Leu Ser Gln Tyr His Val Tyr Val Arg Ala Pro Ala Arg Pro  
 965 970 975

Asp Ala Gln Ala Val Val Arg Trp Pro Asp Ser Ala Val Thr Glu Gly  
 980 985 990

Leu Ala Arg Ala Val Phe Ala Ser Ser Arg Thr Phe Gly Pro Ala Ser  
 995 1000 1005

Phe Ala Arg Ile Glu Thr Ala Phe Ala Asn Leu Tyr Pro Gly Glu  
 1010 1015 1020

Gln Pro Leu Cys Leu Cys Arg Gly Gly Asn Val Ala Tyr Thr Val  
 1025 1030 1035

Cys Thr Arg Ala Gly Pro Lys Thr Arg Val Pro Leu Ser Pro Arg  
 1040 1045 1050

Glu Tyr Arg Gln Tyr Val Leu Pro Gly Phe Asp Gly Cys Lys Asp  
 1055 1060 1065

Leu Ala Arg Gln Ser Arg Gly Leu Gly Leu Gly Ala Ala Asp Phe  
 1070 1075 1080

Val Asp Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn Arg Trp Gly  
 1085 1090 1095

Leu Gly Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu Gly Arg Arg  
 1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro Thr Trp Ala  
 1115 1120 1125

Arg Val Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp Pro Ala Ala  
 1130 1135 1140

Glu Pro Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser Val Ala Leu  
 1145 1150 1155

Tyr Ala Ser Ala Asp Glu Ala Arg Asn Ala Leu Pro Pro Ile Pro  
 1160 1165 1170

Arg Val Met Trp Pro Pro Gly Phe Gly Ala Ala Glu Thr Val Leu  
 1175 1180 1185

Glu Gly Ser Asp Gly Thr Arg Phe Ala Phe Gly His His Gly Gly  
 1190 1195 1200

Ser Glu Arg Pro Ala Glu Thr Gln Ala Gly Arg Gln Arg Arg Thr  
 1205 1210 1215

Ala Asp Asp Arg Glu His Ala Leu Glu Pro Asp Asp Trp Glu Val  
 1220 1225 1230

Gly Cys Glu Asp Ala Trp Asp Ser Glu Glu Gly Gly Gly Asp Asp  
 1235 1240 1245

Gly Asp Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Val Val Ser Val  
 1250 1255 1260

Ala Pro Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Xaa Arg Pro Ala  
 1265 1270 1275

Val Lys Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
 1280 1285 1290

Asp Asp Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser  
 1295 1300 1305

Arg Gly  
 1310

<210> 7

<211> 8878

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> plasmid

<400> 7

ttaattaagg ccgcagcttc ctagataact tcgtatagca tacattatac gaagtttatgg 60

atctcccgcc cagcgtcttg tcattggcga actcgaacac gcagatgcag tcggggcggc 120

gcggtcccag gtccacttcg catattaagg tgacacgcgc ggcctcgaac acagctgcag 180

gccatgagcg aaaaatacat cgtcacctgg gacatgttgc agatccatgc acgtaaactc 240

gcaagccgac tcatgccttc tgaacaatgg aaaggcatta ttgccgttaag ccgtggcgg 300

ctggtaaccgg gtgcgttact ggccgtgaa ctgggtattc gtcatgtcga taccgttgt 360

atttccagct acgatcacga caaccagcgc gagcttaaag tgctgaaacg cgcagaaggc 420

gatggcgaag gcttcatcg tattgatgac ctgggtggata ccgggtggta tcgcgttgcg 480  
 attcgtaaaa tgtatccaaa agcgcacttt gtcaccatct tcgcaaaacc ggctggcgt 540  
 ccgctgggtg atgactatgt tggtgatatac ccgcaagata cctggattga acagccgtgg 600  
 gatatggcg tcgtattcgt cccgccaatc tccggtcgct aaccggtagc ggatcatcta 660  
 gacccgggta ccgttaactt gtttattgca gcttataatg gttacaataa aagcaatagc 720  
 atcacaaatt tcacaaataa agcattttt tcactgcatt ctagttgtgg tttgtccaaa 780  
 ctcatcaatg tatcttatca tgtctggatc cccattctca tggttgcacag cttatcatcg 840  
 aatttctgcc attcatccgc ttattatcac ttattcaggc gtagcaacca ggcgtttaag 900  
 ggcaccaata actgccttaa aaaaattacg ccccgccctg ccactcatcg cagtactgtt 960  
 gtaattcatt aagcattctg ccgacatgga agccatcaca gacggcatga tgaacctgaa 1020  
 tcgcccagcgg catcagcacc ttgtccctt gcgtataata ttggccatg gtggaaacgg 1080  
 gggcgaagaa gttgtccata ttggccacgt ttaaatcaaa actggtaaaa ctcacccagg 1140  
 gattggctga gacgaaaaac atattctcaa taaacccttt agggaaatag gccaggttt 1200  
 caccgtaaaca cgccacatct tgcgaatata tgtgtagaaa ctgcccggaaa tcgtcgttgt 1260  
 attcactcca gagcgatgaa aacgtttagt ttgctcatg gaaaacgggt taacaagggt 1320  
 gaacactatc ccatatcacc agctcaccgt cttcattgc catacggaaat tccggatgag 1380  
 cattcatcag gcgggcaaga atgtgaataa aggccggata aaacttgtgc ttatccatc 1440  
 ttacggctt taaaaaggcc gtaatatcca gctgaacgggt ctgggtatag gtacatttag 1500  
 caactgactg aaatgcctca aaatgttctt tacgatgcca ttggatata tcaacgggtgg 1560  
 tataatccagt gatcccccc tccatccatc cttccatc tcctgaaaat ctcgataact 1620  
 caaaaaatac gccccggtagt gatcttattt cattatgggt aaagttggaa cctcttacgt 1680  
 gcccgtcaac gtctcatttt cgccaaaagt tggcccgagg cttccggta tcaacaggaa 1740  
 caccaggatt tatttattct gcgaagtgtat cttccgtcac aggtatttat tcgcgataag 1800  
 ctcatggagc ggcgtaaaccg tcgcacagga aggacagaga aagcgcggat ctggaaatgt 1860  
 acggacagaa cggtcaggac ctggattggg gaggcggttg ccggccgtgc tgctgacggt 1920

gtgacgttct ctgttccggc cacaccat acgttccgcc attcctatgc gatgcacatg 1980  
 ctgtatgccg gtataccgct gaaagttctg caaaggctga tgggacataa gtccatcagt 2040  
 tcaacggaag tctacacgaa ggaaaaatgcg ctggatgtgg ctgcccggca ccgggtgcag 2100  
 tttgcgatgc cggagtctga tgccgttgcg atgctgaaac aattatcctg agaataaatg 2160  
 ccttggcctt tatatggaaa tgtggaactg agtggatatg ctgttttgt ctgttaaaca 2220  
 gagaagctgg ctgttatcca ctgagaagcg aacgaaacag tcggaaaaat ctcccattat 2280  
 cgttagagatc cgcatattat atctcaggag cctgtgtac gtttatagga agtagtggc 2340  
 tgtcatgatg cctgcaagcg gtaacgaaaa cgatttgaat atgccttcag gaacaataga 2400  
 aatcttcgtg cgggttacg ttgaagtggc gcggattatg tcagcaatgg acagaacaac 2460  
 ctaatgaaca cagaaccatg atgtggctg tcctttaca gccagtaggc tcgcccgcgt 2520  
 cgagcgacgg cgaagccctc gagtgagcga ggaagcacca gggAACAGCA ctttatatt 2580  
 ctgcttacac acgatgcctg aaaaaacttc ctttgggtt atccacttat ccacggggat 2640  
 atttttataa ttatTTTT tatagtttt agatcttctt ttttagagcg ctttgcgttgc 2700  
 ctttatccat gctggttcta gagaagggtgt tgtgacaaat tgcccttca gtgtgacaaa 2760  
 tcaccctcaa atgacagtcc tgtctgtgac aaattgcct taaccctgtg acaaattgcc 2820  
 ctcagaagaa gctgttttt cacaaggta tccctgctt ttgactctt ttatTTTGT 2880  
 gtgacaatct aaaaacttgt cacacttcac atggatctgt catggcgaa acagcggtt 2940  
 tcaatcaca aaaaacttgt cacacttcac atggatctgt catggcgaa acagcggtt 3000  
 cggcatatag tctctccgg gatcaaaaac gtatgctgta tctgttcgtt gaccagatca 3060  
 gaaaatctga tggcacccta caggaacatg acggtatctg cgagatccat gttgctaaat 3120  
 atgctgaaat attcggattt acctctgcgg aagccagtaa ggatatacgg caggcatgta 3180  
 agagttcgc ggggaaggaa gtggTTTTT atcgccctga agaggatgcc ggcgatgaaa 3240  
 aaggctatga atctttcct tggTTTatca aacgtgcgc a cagtccatcc agagggctt 3300  
 acagtgtaca tatcaaccca tatctcattt ctttctttat cgggttacag aaccgggtt 3360  
 cgcagttcg gcttagtgaa acaaaagaaa tcaccaatcc gtatgccatg cgtttatacg 3420

aatccctgtg tcagtatcgt aagccggatg gctcaggcat cgtctcttg aaaatcgact 3480  
 ggatcataga gcgttaccag ctgcctcaaa gttaccagcg tatgcctgac ttccgccgc 3540  
 gtttcctgca ggtctgtgtt aatgagatca acagcagaac tccaatgcgc ctctcataca 3600  
 ttgagaaaaa gaaaggccgc cagacgactc atatcgatt ttcctccgc gatatcactt 3660  
 ccatgacgac aggatagtct gagggttatc tgtcacagat ttgagggtgg ttcgtcacat 3720  
 ttgttctgac ctactgaggg taatttgtca cagtttgct gttccttca gcctgcatgg 3780  
 attttctcat acttttgaa ctgtaatttt taaggaagcc aaatttgggg gcagttgtc 3840  
 acagttgatt tccttctt tcccttcgtc atgtgacctg atatcgggg ttagttcg 3900  
 atcattgatg agggttgatt atcacagttt attactctga attggctatc cgctgtgt 3960  
 cctctacctg gagttttcc cacggtgat atttcttctt gcgctgagcg taagagctat 4020  
 ctgacagaac agttttctt tgcttcctcg ccagttcgct cgctatgctc gtttacacgg 4080  
 ctgcggcgag cgctagtgtat aataagtgc tgaggtatgt gctttctta tctcctttg 4140  
 tagtgttgct cttatTTaa acaactttgc ggtttttga tgactttgctg attttgtt 4200  
 tgctttgcag taaattgcaa gatTTaataa aaaaacgcaa agcaatgatt aaaggattt 4260  
 cagaatgaaa ctcatggaaa cacttaacca gtgcataaac gctggcatg aaatgacgaa 4320  
 ggctatcgcc attgcacagt ttaatgatga cagcccgaa gcgaggaaaa taacccggcg 4380  
 ctggagaata ggtgaagcag cggatttagt tgggtttct tctcaggcta tcagagatgc 4440  
 cgagaaagca gggcgactac cgcacccgga tatggaaatt cgaggacggg ttgagcaacg 4500  
 tttggttat acaattgaac aaattaatca tatgcgtgtat gtgttggtt cgcgattg 4560  
 acgtgctgaa gacgtatttc caccggatc cggggttgct gcccataaaag gtggcg 4620  
 caaaacctca gtttctgttc atcttgcgtca ggtatctggct ctgaaggggc tacgtttt 4680  
 gctcggtggaa ggtaacgacc cccaggaaac agcctcaatg tatcacggat gggtaccaga 4740  
 tcttcattt catgcagaag acactctcct gccttctat cttggggaaa aggacgatgt 4800  
 cacttatgca ataaagccc a cttgctggcc ggggcttgac attattcctt cctgtctggc 4860  
 tctgcaccgt attgaaactg agttaatggg caaatTTgtt gaaggtaaac tgccccaccga 4920

tccacacctg atgctccgac tggccattga aactgttgct catgactatg atgtcatagt	4980
tattgacagc gcgcctaacc tggtatcgg cacgattaat gtcgtatgtg ctgctgatgt	5040
gctgattgtt cccacgcctg ctgagttgtt tgactacacc tccgcactgc agttttcga	5100
tatgcttcgt gatctgctca agaacgttga tcttaaaggg ttcgagcctg atgtacgtat	5160
tttgcttacc aaatacagca atagtaatgg ctctcagtcc ccgtggatgg aggagcaaat	5220
tcgggatgcc tgggaaagca tggttctaaa aaatgttgta cgtgaaacgg atgaagttgg	5280
taaaggtagtca atccggatga gaactgttt tgaacaggcc attgatcaac gctcttcaac	5340
tggtgccctgg agaaatgctc tttctatttgc ggaacctgtc tgcaatgaaa tttcgatcg	5400
tctgattaaa ccacgctggg agattagata atgaagcgtg cgcctgttat tccaaaacat	5460
acgctcaata ctcaaccggc tgaagatact tcgttatcga caccagctgc cccgatggc	5520
gattcgtaa ttgcgcgcgt aggagtaatg gctcgccgtt atgcccatttac tttgcctgtt	5580
tgtggtcggg atgtgaagtt tactcttgcgtt gtgctccggg gtatgtgt tgagaagacc	5640
tctcggttat ggtcaggtaa tgaacgtgac caggagctgc ttactgagga cgcactggat	5700
gatctcatcc cttctttct actgactggc caacagacac cggcggttcg tcgaagagta	5760
tctgggtca tagaaattgc cgatggagtcg cggcggttcgta aagctgctgc acttaccgaa	5820
agtgattatc gtgttctgg tggcgagctg gatgtatggc agatggctgc attatccaga	5880
ttgggtaacg attatcgccc aacaagtgc tatgaacgtg gtcagcgta tgcaagccga	5940
ttgcagaatg aatttgcgtt aaatatttctt ggcgtggctg atgcggaaaa tatttcacgt	6000
aagattatta cccgctgtat caacaccggcc aaattgccta aatcagttgt tgctctttt	6060
tctcaccccg gtgaactatc tgcccggtca ggtgatgcac ttcaaaaagc ctttacagat	6120
aaagaggaat tacttaagca gcaggcatct aaccttcatg agcagaaaaa agctgggtg	6180
atatttgaag ctgaagaagt tatcactctt ttaacttctg tgctaaaac gtcatctgca	6240
tcaagaacta gtttaagctc acgacatcag tttgctcctg gagcgacagt attgtataag	6300
ggcgataaaaa tggtgcttaa cctggacagg tctcgtgttc caactgagtg tatagagaaa	6360
attgaggcca ttcttaagga acttgaaaag ccagcaccct gatgcgacca cgttttagtc	6420

tacgtttatc tgtcttact taatgtccctt tggtacaggc cagaaaggcat aactggcctg 6480  
 aatattctct ctggggccac tggccactt gtatcgctgg tctgataatc agactggac 6540  
 cacggtccca ctcgtatcgt cggtctgatt attagtctgg gaccacggc ccactcgat 6600  
 cgtcggtctg attattagtc tgggaccacg gtcccactcg tatcgctggt ctgataatca 6660  
 gactgggacc acggtcccac tcgtatcgac ggtctgatta ttagtctggg accatggcc 6720  
 cactcgatc gtcggctctga ttattagtct gggaccacgg tcccactcgat atcgctggc 6780  
 tgattattag tctggaacca cggtccact cgtatcgat gtctgattat tagtctggg 6840  
 ccacggtccc actcgatcgt tcggctctgat tattagtctg ggaccacgat cccactcgat 6900  
 ttgtcggtct gattatcggt ctgggaccac ggtcccactt gtattgtcga tcagactatc 6960  
 agcgtgagac tacgattcca tcaatgcctg tcaaggcaaa gtattgacat gtcgtcgtaa 7020  
 cctgtagaac ggagtaacct cggtgtgcgg ttgtatgcct gctgtggatt gctgctgtgt 7080  
 cctgcttatac cacaacattt tgccacggc tatgtggaca aaatacctgg ttacccaggc 7140  
 cgtgccggca cgtaaccgg gctgcacccg atgcaagtgt gtcgtgtcg agttaaaca 7200  
 tgcatagttt ttaatagtaa tcaattacgg ggtcattatg tcatagccca tatatggagt 7260  
 tccgcgttac ataacttacg gtaaatggcc cgcctggctg accgccccaa gaccccccgc 7320  
 cattgacgtc aataatgacg tatgttccca tagtaacgcc aataggact ttccattgac 7380  
 gtcaatgggt ggagtattta cggttaactg cccacttggc agtacatcaa gtgtatcata 7440  
 tgccaagtac gccccctatt gacgtcaatg acggtaaatg gccgcctgg cattatgccc 7500  
 agtacatgac cttatggac tttcctactt ggcagtgatcat ctacgtatata gtcgtcgta 7560  
 ttaccatggt gatgcggttt tggcagtaca tcaatggcgg tggatagcgg tttgactcac 7620  
 ggggatttcc aagtctccac cccattgacg tcaatgggag tttgtttgg caccaaaatc 7680  
 aacgggactt tccaaaatgt cgtaacaact ccgcggcatt gacgcaatg ggcggtaggc 7740  
 gtgtacggtg ggaggtctat ataagcagag ctggtttagt gaaccgtcag atccgctagc 7800  
 gctaccggc gccaccatgg tgagcaaggg cgaggagctg ttcaccgggg tggtgcccat 7860  
 cctggtcgag ctggacggcgc acgttaaacgg ccacaagttc agcgtgtccg gcgagggcga 7920

gggcgatgcc acctacggca agctgaccct gaagttcatc tgcaccaccg gcaagctgcc	7980
cgtgccctgg cccaccctcg tgaccaccct gacctacggc gtgcagtgct tcagccgcta	8040
ccccgaccac atgaaggcagc acgacttctt caagtccgcc atgcccgaag gctacgtcca	8100
ggagcgcacc atcttcttca aggacgacgg caactacaag acccgcgccg aggtgaagtt	8160
cgagggcgac accctggta accgcatcga gctgaaggc atcgacttca aggaggacgg	8220
caacatcctg gggcacaaggc tggagtacaa ctacaacaggc cacaacgtct atatcatggc	8280
cgacaaggcag aagaacggca tcaaggtaa ctcaagatc cgccacaaca tcgaggacgg	8340
cagcgtgcag ctcggcggacc actaccagca gaacacccccc atcggcgacg gccccgtgct	8400
gctgcccac aaccactacc tgagcaccca gtccgcccctg agcaaagacc ccaacgagaa	8460
gcgcgatcac atggcctgc tggagttcgt gaccggccgccc gggatcactc tcggcatgga	8520
cgagctgtac aagtccggac tcagatccac cggatctaga taactgatca taatcagcca	8580
taccacattt gtagaggttt tacttgcttt aaaaaacctc ccacacccctcc ccctgaacct	8640
gaaacataaa atgaatgcaa ttgttgtttaa taacttgttt attgcagctt ataatggta	8700
caaataaagc aatagcatca caaatttcac aaataaagca ttttttcac tgcattctag	8760
ttgtggtttg tccaaactca tcaatgtatc tttaaatggcc gcataacttc gtatagcata	8820
cattatacga agtttatctag cagatctgaa ttgcataatca agctgcggcc ttaattaa	8878

<210> 8  
 <211> 124884  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1134)..(1850)

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (8607)..(9386)

<220>  
 <221> CDS

<222> (10642)..(10902)

<220>

<221> CDS

<222> (11009)..(11917)

<220>

<221> CDS

<222> (12160)..(13392)

<220>

<221> CDS

<222> (13590)..(16049)

<220>

<221> CDS

<222> (16214)..(18199)

<220>

<221> CDS

<222> (18441)..(19346)

<220>

<221> CDS

<222> (24149)..(25516)

<220>

<221> CDS

<222> (30759)..(33875)

<220>

<221> CDS

<222> (34083)..(42374)

<220>

<221> CDS

<222> (44506)..(46263)

<220>

<221> CDS

<222> (50857)..(54471)

<220>

<221> CDS

<222> (54651)..(56963)

<220>

<221> CDS

<222> (57008)..(59614)

<220>  
<221> CDS  
<222> (59766)..(60197)

<220>  
<221> CDS  
<222> (64807)..(65832)

<220>  
<221> CDS  
<222> (66074)..(68599)

<220>  
<221> CDS  
<222> (70633)..(71355)

<220>  
<221> CDS  
<222> (71540)..(75730)

<220>  
<221> CDS  
<222> (75847)..(76797)

<220>  
<221> CDS  
<222> (78170)..(80200)

<220>  
<221> CDS  
<222> (80360)..(81451)

<220>  
<221> CDS  
<222> (82719)..(83318)

<220>  
<221> CDS  
<222> (84667)..(86322)

<220>  
<221> CDS  
<222> (87881)..(90388)

<220>  
<221> CDS  
<222> (90493)..(92808)

<220>  
<221> CDS

<222> (95996)..(98641)

<220>

<221> CDS

<222> (110581)..(111417)

<220>

<221> CDS

<222> (111565)..(112107)

<220>

<221> CDS

<222> (113037)..(114218)

<220>

<221> CDS

<222> (114496)..(115560)

<220>

<221> CDS

<222> (115808)..(117679)

<220>

<221> CDS

<222> (120764)..(124696)

<400> 8

aggccagccc tctcgccgccc ccctcgagag agaaaaaaaaaa aagcgacccc acctccccgc	60
--	----

gcgtttgcgg ggcgaccatc gggggggatg ggatttttg ccggaaacc ccccccggcc	120
---	-----

agccttaac aaaacccgcg cttttgcgt ccacccctcg ttactgctc ggatggcgac	180
--	-----

cgtgcactac tcccgccgac ctgggacccc gccggtcacc ctcacgtcgt ccccccagcat	240
--	-----

ggatgacgtt gcgacccca tcccctacct acccacatac gccgaggccg tggcagacgc	300
--	-----

gcccccct tacagaagcc gcgagagtct ggtgttctcc ccgcctcttt ttcctcacgt	360
---	-----

ggagaatggc accacccaac agtcttacga ttgcctagac tgcgcttatg atggaatcca	420
---	-----

cagactttagt ctggctttc taagaattcg caaatgctgt gtaccggctt ttttaattct	480
---	-----

ttttggattt ctcaccctta ctgctgtcgt ggtcgccatt gttgccgtt ttcccgagga	540
--	-----

acctcccaac tcaactacat gaaactactg tccggaaggg gaaggtattt attctcgctt	600
---	-----

gcagcttgc ggcgtgtat gcacaacaaa agctatatat gtcaccaaag ccaacgtcgc	660
---	-----

catctggagt actacaccca gtacgtgca taacctgtcc atttgcattt tcagttgcgc	720
--	-----

ggacgcctt ctccggatc gtggccttgg gacatcaacc agtggataa gaaccgcgg	780
tggcttggt tgaacgacga gtggcgacgc gttgttctgc ataagctctg tatgctgata	840
cataaacaca gagtctgtat cgctatcaga ttcccgaaca cttccggta ccccatactc	900
cgataccctg gacattgcgg atccccaaa tataatatta acaggatttgc ttatacttt	960
gctacagctt atataaattt atgtgcgata catcttaagt gcatccgtac gttatttata	1020
cattgcctgt cacgtaaaaa gactgtgtta cccaataaaag gttctacaaa aaatgctta	1080
ttgggtgtt gtttaatagc tattatcgta acccacccccc gtaaaaatcat aaa atg Met 1	1136
cat gta att tct gag aca ctt gca tat ggg cat gtt ccc gca ttt att His Val Ile Ser Glu Thr Leu Ala Tyr Gly His Val Pro Ala Phe Ile 5 10 15	1184
atg ggc tcc act ctg gtg cgt ccc agt tta aac gcc acc gcc gag gaa Met Gly Ser Thr Leu Val Arg Pro Ser Leu Asn Ala Thr Ala Glu Glu 20 25 30	1232
aat ccc gcg tca gaa acg cga tgt tta tta cga gtg ctt gcg ggg aga Asn Pro Ala Ser Glu Thr Arg Cys Leu Leu Arg Val Leu Ala Gly Arg 35 40 45	1280
act gta gac ctg cca ggc gga acg tta cac att acc tgt acc aaa Thr Val Asp Leu Pro Gly Gly Thr Leu His Ile Thr Cys Thr Lys 50 55 60 65	1328
acc tat gta att att ggc aaa tat agc aaa ccc ggc gaa cgt ctt agc Thr Tyr Val Ile Gly Lys Tyr Ser Lys Pro Gly Glu Arg Leu Ser 70 75 80	1376
ctt gcc cgt cta ata ggg cgt gca atg acg cct gga ggt gca agg aca Leu Ala Arg Leu Ile Gly Arg Ala Met Thr Pro Gly Gly Ala Arg Thr 85 90 95	1424
ttt att att ttg gcg atg aag gaa aag cga tcc aca acg ctt ggg tat Phe Ile Ile Leu Ala Met Lys Glu Lys Arg Ser Thr Thr Leu Gly Tyr 100 105 110	1472
gaa tgt ggt acg ggc ttg cat tta ctg gct cca tct atg ggt aca ttt Glu Cys Gly Thr Gly Leu His Leu Leu Ala Pro Ser Met Gly Thr Phe 115 120 125	1520
ctc cgc aca cac ggt tta agt aac aga gat ctc tgt tta tgg cgg ggt	1568

Leu Arg Thr His Gly Leu Ser Asn Arg Asp Leu Cys Leu Trp Arg Gly			
130	135	140	145
aat att tat gat atg cat atg caa cgt ctt atg ttt tgg gag aat atc			1616
Asn Ile Tyr Asp Met His Met Gln Arg Leu Met Phe Trp Glu Asn Ile			
150	155	160	
gct caa aat acc act gaa aca cct tgt ata acg tcg acg tta aca tgc			1664
Ala Gln Asn Thr Thr Glu Thr Pro Cys Ile Thr Ser Thr Leu Thr Cys			
165	170	175	
aac ttg aca gaa gac tct ggt gaa gcc gca ctt acc acg tca gac cga			1712
Asn Leu Thr Glu Asp Ser Gly Glu Ala Ala Leu Thr Thr Ser Asp Arg			
180	185	190	
ccc act ctc cca acc cta aca gcc caa gga aga cca aca gtt tcc aac			1760
Pro Thr Leu Pro Thr Leu Thr Ala Gln Gly Arg Pro Thr Val Ser Asn			
195	200	205	
att cgt gga ata ttg aaa gga tcc ccc cgt caa cag ccg gtc tgt cac			1808
Ile Arg Gly Ile Leu Lys Gly Ser Pro Arg Gln Gln Pro Val Cys His			
210	215	220	225
cgg gtt aga ttt gcc gaa cct acg gag ggc gta ttg atg taa			1850
Arg Val Arg Phe Ala Glu Pro Thr Glu Gly Val Leu Met			
230	235		
tcactaaata aaatacacacct ttttcgatt gtacgtattt ttatttaat gtgttagtca			1910
tagtccgccg acagccgctc gggctttcc cccacataca acatgatcgt atgcctcgga			1970
tgcaccggtc caacactccg ccgagaaggg ggatttacaa tgacagtgtat acccaatagc			2030
cggccagatgt acacccagct gtccggactc cagcatcatc tgctgagttt cgccgctgaa			2090
gggtgcacatcg catagggtgt tataattagc cattccgggt aacagtgcgtt gggatattag			2150
gaggctgcaa aacggctgta ggtcaacata cattggggat tcagatggtt tatctcgacg			2210
tccaagtcca atcaaaaaag cgtgtaaatc atcagccgg ccgcatgttg ctgcgaagagc			2270
acataaacctc ttaacaccgt acagagggga tggcgctggt gcatgtgagt tggcagggca			2330
tgtccacgtt gttccaacg ccagtggcgg tataacttgt gttaacgacg ccaacgggtc			2390
aggtttaaga ttcactcgga tgggttgact gctttcgaa gctccgttg tatccattaa			2450
ttaaacgttc ggtacacgtc tggtgtgtgt tttacccgaa tcagagacgg aattgcaaag			2510
atattggttt gaaagcaatg taatccgcc catatatccc caacgtcgcc ttaaaaactc			2570

ccacaatatt acattttat tagtcttta ttaatataga atcacataaa caattgataa 2630  
 aatcaagggg tggtgtataa tgattaaaaa tataaattga tatgtttac aagcatgaaa 2690  
 taggtattta ctattctaac aggtaaatat gcttaatgat taaaaataca aatttagtg 2750  
 tttgacaag cataaaaaag gtatttta ttttagcagt taaaggtact acactaaaa 2810  
 tatttaccgt atggacgggc gtcagaaaga tgccggccc aagttgagag ggtacattca 2870  
 acacgaccac actcgcttg gtgggtgatt agggcctcta aaacaccggc cagacatgac 2930  
 ccgggtgtat attcttgtaa cacttgaacg ttacaactga tatcatcata ttccacaaat 2990  
 ttagagccac ggacaactat attagcaatg cgggcaatca taacaaacat ataagtagta 3050  
 atacacgtga tatcactaaa acgttgcgtt cgcaacagtt cggggagagt acgagacccc 3110  
 aaatcggtgt ccctgtttag aagaagacat cttacaaaag gccccagctt taactttaaa 3170  
 ttctccaaaa gtgacttcga gtttgcacaaca atgggattat ttgtgttagat gggcaagttt 3230  
 ttgcgccta acattttaat ccacgttaac agttcatccg cagactccaa cgcttcaatc 3290  
 aaagattctc cacgtatgac tctctcacgc aacgcgcggg caatacgtga gtccatttt 3350  
 tatgactcaa aggtacgata aagttcatgt ccgtacaaca tcaactccgg ccaagatgt 3410  
 tttgtttta tccccggaaa acatccacccg gaagcccatg aatcaccctc ttgtattgt 3470  
 gcatatcgga ctaccagttt ttcaattgtt tcatctaaat ggcgtaccga gtcaatggtc 3530  
 acgctggctc ccgcggtgga gacgacttca atagcacggc ccgttaattcg atcgaccggg 3590  
 atatcatact ctttcgaat acgctctcg ccggcgtctc tcttgaaaaa tcgcaacctg 3650  
 tacgattcgt catgtgtctg atcattctt tctccgtgg tcattgcagg aggcgttgta 3710  
 ggacgcccgc ttcgatttga cagggatcga tcacggtgtt ttcttgaact ttgagtgtta 3770  
 taagatctgg atgatcgctg atgtcccggt tcgatcgctg catatccagt ctccacgtct 3830  
 cttcctccat gatggtttga atcgggtaat acaacaacca aagtttcgg gcgattgtgg 3890  
 tggtagctt cacgccttcc gtgccttcgt ttggaatacc gtggattata tgctgtatct 3950  
 gcagtagct ccacatacac agttctagac gttgtggagt cctcgctgg agtggagcca 4010  
 atagcttcat catttgcaca atcggtgact tccaatgcaa agtcatccga agttcgtct 4070

ggtagcaaat tcataaagtc ttcacaaata gtagacacgt ctgggtcggt tggaattgaa 4130  
 gcagaggcca tggctgcaaa atatctgaca attgcgtgtt tgcagttgcc tgtatctcc 4190  
 gccaatgttg tagaatttat aggctcaccc aaccccgcaa tggcgtgtt tagtcacatg 4250  
 attaatgctt ctgggagttt tcacttccc caaacaagct tacctgcacc ctttgtcgt 4310  
 aatgcataaa aataaccact gctatacgaa atatgacgat ataaaaacat tttatagcaa 4370  
 ggccggacat tactgttagcg caacatgttg tgcataacc acgtattccc cccgtattga 4430  
 tatgatttaa atgattatcc ttgggtgggtt ttggctaaac ataagatata agctctacta 4490  
 tagcgagcgt gcataacaaca acccaggcca gaatccgaat gtatgtggg tataataacg 4550  
 cgcatggtgt atatgcaacg ccaagcgtaa aaagcacaat acatccagat gatatatgag 4610  
 cgataacctc caaaagcatc aataacgtaa cacctttagt catatataaa aaacttata 4670  
 ggtcagcatt aaatactta ctcataccat cccgtcgcat ggaaacatca cataacaacc 4730  
 ttgccaactt tgtatatggg taaccaagaa gaatgttcga aataaccgt gttacgtaat 4790  
 tcagtgaata ttagtgggg gatattaact cacaggatga tcggaatggc ccaaacatac 4850  
 gacgtattcg tcgaaattgt aaatacatac catatacaaa ccatgcaaaa aaaatcatt 4910  
 ttagctgcac gcaccaaaaa taagcgtagc aattacgtgt tcccagaaca attcgaattt 4970  
 tgtcatgcaa aggtgttagaa atagcggttt ttaccatagt atctcctgat aatagattt 5030  
 cccggcagct gtaatcgat ccagataggc catccaaaaa cgttgagtgg tttacaaacg 5090  
 ttacatatat aagagagttg ttataagacc cccatataac cggtccacca ttaatcaccg 5150  
 tggttgcata cacacactca tggtaact ttacacgagc ggtataccat aggtaaaaaa 5210  
 cagcatgtcc gctaagttaga cacataatta taaaatgttc tgtcttgatt cctaaagcct 5270  
 gcatgaccgc tggaagatgg caattcaagc acgatgttagt atcacacggt tggtgttaac 5330  
 tcgaagttaa atttggataa ttaggtactt ctagagtaaa gattgtatgc atgcgattgc 5390  
 tatcgactt tggtaaaaaa cattgttgta caagcgaaat acacaaacgg ttgtgtatgat 5450  
 ccactcgcaag agacacaaat gtccgggag ccgttctcc tccgcgtgg ggatatcgaa 5510  
 gacaagtgaa ccctttgtt ccgcataatga gctgaaataa cacccagtcc ctttgatgg 5570

cgatacac tt gatgatgtt aagttatatt cgcgatc acg cccggggaaa tgaacagcaa 5630  
 tatgctccac aataggattct aatattgtgc tgtcgacaaa ggcctccagt gtaaatgcgt 5690  
 ccagacaagt taccccg cgc tcttttagag cctttgttaa agatattgc ggggagctaa 5750  
 atatttgttt attacgcgca accttacgtt caaaaaactc tgcgtattcc cccccaaggt 5810  
 tatgtaaaat aaattgcact ggaacattcg actgcggtct tgaatgaaaa taaaagttg 5870  
 ccgggtttct atgtgatgtc acaaacgcta atatatcaat acactgctca ggtacaacat 5930  
 aaaatggag tagtgtcca accgcccgtcc ctgtgggtgt tactttggag aaaaaaggca 5990  
 gtcttaaact atgtccgtgg ctataaacac cagtatctat aaacgaaaag tcccgtaaat 6050  
 acggaccaat atattcaaca aattccgtt ccagcaacac cgcttgctgt aatatttg 6110  
 caaaccctt taaagtggaa gacccacta acgcataggg atttgggatt ggtacgcata 6170  
 ccctgaaacc tatttctct ttacagttac agggtagagt ttcatgcaag tttcattgt 6230  
 ttgatacatc ggctgtgtta tggacttcag acgttgtctg tgtatcaaaa aaccatacat 6290  
 cctctgtata attctttctt acacacgtgt ataattcgcc attttctatg taaaatcga 6350  
 tgtcagaatg gctggttata tccaataat tatcatcatc caacacctca acggtaggtt 6410  
 caggacatgc agtttataa aaataacatg ggtctttgtt agggttacc acggccttg 6470  
 gaaaaagtaa ttgcatggcc gttaaaatac catgacgaaa tgctcgcatg ccggcatgta 6530  
 aaataccaa tggatgggt tttcttat gaaagtctac atcaagtatg aggtttgtga 6590  
 ttataagatt tgtattaaat agctcattcc tggatgtata aagctgatct ttgggtatgt 6650  
 ttgatgaaat tttagaaacg ttttaacag acgttagataa tagtaaagtc aactgcata 6710  
 ctcgttagtga agcggcaaca aaattacatg gattaatttgc ttaagggtcc tccgcaatta 6770  
 atcgagcc tc gtgcggtaaa gtgtacggt ttgttattga tgaccacgta tcattagcaa 6830  
 taacagcaaa tgctggc cgtgaggca aggctacccg atatacaggc attggccat 6890  
 ttacctcaga atggccgatg agggcttcta atggagttt ataactcagg atggatacat 6950  
 catgtgtggc tatccagtg gcagcagaga aaaacagtaa tagtttgc taaaatccggc 7010  
 tcgtatcaaa accagtacga ccactttgggt taggtgtatc gtttgcaag ttggctgctc 7070

gtaacgcctc cgccggaaaca cccgaatcct caaaattaga caattcgta aaaccgggtg 7130  
 gattttagggg aatagtggag gaccatccat atggactaaa ttgttttca atgtttcca 7190  
 cacgacgagt tagcgttgta gctaggtcac atacgcctat aaacttgcta ggtttgcgg 7250  
 catacgtaag acttaaagta tatgttttag taattgtata tttatgtcca atctcaggc 7310  
 caagttcagt gacatcacaa attacgttct ttttatata gtcacgcattt gttgagacgag 7370  
 aacgtacatg attaaaaaaa ttagcagtag ctcttttcc caggtggat gatTTTaaaga 7430  
 ggaccgggtt attcacaaaaa tctgagtagt taaccgcttg taggtggct gcgtatgttt 7490  
 tccgattgaa acattcaaaa tgtgccagat aaatataatc aacaaattca cggctggaa 7550  
 cttaaggcc ttttctatcg ttggtaatat actccgatac tgcgtgtatt tccgttgtt 7610  
 ctgtatgtat tcgctgtaaa atgtacgata gagcattttt ggctgtcaaa cctcgtgtat 7670  
 atgtttaggaa acaacaaaac atggaaagtt tatcaaaaga caacaagtcc gaaatattgt 7730  
 acccactaca attaggtaat gccgggactt ggttaagttaa aaacaaatct ttaattgcct 7790  
 gtaagtata taagggggtt tccaacgtat tgtaacttgcgtt gtccgtttgt aacaagtaat 7850  
 agcgtgttagc caacactagc gtttttcag agggtccaaa tcgaacaata tacaaaacg 7910  
 gcgagcatcc atacccccag tagagtcgtc gatatgcagc caatacttgcgtt 7970  
 gggcatataa tgatgttagc tcctgacgac caacggattt tttaactaac ttgcagagtg 8030  
 ttgcctctgt gatgcattagg ccgttgcgg ataatccctt tcggttaaa tgggtgtttg 8090  
 ttaccatcag agtttgtata acttccgagt gaatgtcaaa cgtctccgat atacataggg 8150  
 tatcagatata tatacgatca ttttaggggtt ctccatcca taacgcctta tataaagctt 8210  
 taaaatcagt ttgggtttta aaacaacaaa aaaatatagg ccagacccgg gatcgtacat 8270  
 ctccagttga aaatccacca attaaataaa aaataacgtt gacgtcccta ctacaaaata 8330  
 aatgcattat ttggtttct tcattcgatcc cagttacttc acgtggcgt ttagttggga 8390  
 ttacttgcgt gatctcttcc ctcccatccc tgacaaagac gtcattcaag tcgggagtcc 8450  
 aagtataact caccacatac agaggtctg tgcttatctg cccggtaagc aacaacagcg 8510  
 agtgggagat tgcacatccc ttgtggcaa ataataaccg aatcgctgg 8570

tatccatagt tcaatacggtt ggaaagccag tcaatc atg cag acg gtg tgt gcc Met Gln Thr Val Cys Ala 240	8624
agc tta tgt gga tat gct cga ata cca act gaa gag cca tct tat gaa Ser Leu Cys Gly Tyr Ala Arg Ile Pro Thr Glu Glu Pro Ser Tyr Glu 245 250 255 260	8672
gag gtg cgt gta aac acg cac ccc caa gga gcc gcc ctg ctc cgc ctc Glu Val Arg Val Asn Thr His Pro Gln Gly Ala Ala Leu Leu Arg Leu 265 270 275	8720
caa gag gct tta acc gct gtg aat gga tta ttg cct gca cct cta acg Gln Glu Ala Leu Thr Ala Val Asn Gly Leu Leu Pro Ala Pro Leu Thr 280 285 290	8768
tta gaa gac gta gtc gct tct gca gat aat acc cgt cgt ttg gtc cgc Leu Glu Asp Val Val Ala Ser Ala Asp Asn Thr Arg Arg Leu Val Arg 295 300 305	8816
gcc cag gct ttg gcg cga act tac gct gca tgt tct cgt aac att gaa Ala Gln Ala Leu Ala Arg Thr Tyr Ala Ala Cys Ser Arg Asn Ile Glu 310 315 320	8864
tgt tta aaa cag cac cat ttt act gaa gat aac ccc ggt ctt aac gcc Cys Leu Lys Gln His His Phe Thr Glu Asp Asn Pro Gly Leu Asn Ala 325 330 335 340	8912
gtg gtc cgt tca cac atg gaa aac tca aaa cgg ctt gct gat atg tgt Val Val Arg Ser His Met Glu Asn Ser Lys Arg Leu Ala Asp Met Cys 345 350 355	8960
tta gct gca att acc cat ttg tat tta tcg gtt ggc gcg gtg gat gtt Leu Ala Ala Ile Thr His Leu Tyr Leu Ser Val Gly Ala Val Asp Val 360 365 370	9008
act acg gat gat att gtc gat caa acc ctg aga atg acc gct gaa agt Thr Thr Asp Asp Ile Val Asp Gln Thr Leu Arg Met Thr Ala Glu Ser 375 380 385	9056
gaa gtg gtc atg tct gat gtt gtt ctt ttg gag aaa act ctt ggg gtc Glu Val Val Met Ser Asp Val Val Leu Leu Glu Lys Thr Leu Gly Val 390 395 400	9104
gtt gct aaa cct cag gca tcg ttt gat gtt tcc cac aac cat gaa tta Val Ala Lys Pro Gln Ala Ser Phe Asp Val Ser His Asn His Glu Leu 405 410 415 420	9152
tct ata gct aaa ggg gaa aat gtg ggt tta aaa aca tca cct att aaa	9200

Ser Ile Ala Lys Gly Glu Asn Val Gly Leu Lys Thr Ser Pro Ile Lys  
 425 430 435

tcg gag gcg aca caa tta tct gaa att aaa ccc cca ctt ata gaa gta 9248  
 Ser Glu Ala Thr Gln Leu Ser Glu Ile Lys Pro Pro Leu Ile Glu Val  
 440 445 450

tcg gat aat aac aca tct aac cta aca aaa aaa acg tat ccg aca gaa 9296  
 Ser Asp Asn Asn Thr Ser Asn Leu Thr Lys Lys Thr Tyr Pro Thr Glu  
 455 460 465

act ctt cag ccc gtg ttg acc cca aaa cag acg caa gat gta caa cgc 9344  
 Thr Leu Gln Pro Val Leu Thr Pro Lys Gln Thr Gln Asp Val Gln Arg  
 470 475 480

aca acc ccc gcg atc aag aaa tcc cat gtt atg ctt gta taa 9386  
 Thr Thr Pro Ala Ile Lys Lys Ser His Val Met Leu Val  
 485 490 495

atattgaaat aaaaactaaa aacgttctg gtgtatgttt ttattttgtataaaaaatta 9446  
 aaacattgct ggctggcgtg gtttattacat ttaatgtttt agtagaaaaat cgacatcggt 9506  
 tgtttctta tcagttgaac caaatccacg cgttccccgt tcgctgggtg tggctattag 9566  
 atctaacgtt ttagtaaaat accattgtac acccggtatg ccacattac cgcggatagc 9626  
 ataaggaaat gcaatattac ttaaaacgtt gtgttttaag tgtatttggg tggctgtgatc 9686  
 tattaaacagg acctgtgcaa gacgatctcc cgttttata cgtatgtcat cacccgtgag 9746  
 attatatacg tagaatttac agtgttctcc tgcaggccat gccgttggac acacgataat 9806  
 gcctgatcgg ctttcgatg atcttccaaa aatataagcg tttatactcg gatgttgaa 9866  
 gtcccagtc tttataatcg gtaagacaat tttataaaat tcattcctt ttaaatatag 9926  
 gtttatatggt acacaaatat catatccgc gtcttcttgg cgtttggat tgatgatatg 9986  
 ttgttaggtt aaggaaacat cgatatggta ttctgcagaa tccctatgta aagggtgcc 10046  
 ctgctgtacc gtggaaatat cagcaaattc aggtataacg ggttttcat aatttgcacgg 10106  
 cgagtttcat aagggttcaa cttgtatcga tttaaaaatt ggatccagat gtttaagaac 10166  
 gtttttggg agaaggcgac tttgtcttaa tttaccggg aacaagttaga ttgttaatg 10226  
 tccggtaaa ataacggtaa ctcctggccg gtaataacaa agggtgaaa ttactcctct 10286  
 gtaacccgca tcaataactc cggtggcgac aaaaaatttgc tcttcattcag caagggcagt 10346



tcg ttg ggt tac att acc aca gtt ggg gcc gat tct cct tct cca gtg Ser Leu Gly Tyr Ile Thr Thr Val Gly Ala Asp Ser Pro Ser Pro Val 630 635 640	11188
tac gcg gat ctt tat ttt gaa cat aaa aat acg acc cct cgc gta cat Tyr Ala Asp Leu Tyr Phe Glu His Lys Asn Thr Thr Pro Arg Val His 645 650 655 660	11236
caa cca aac gac tcc agc gga tcg gaa gat gac ttt gaa gac atc gat Gln Pro Asn Asp Ser Ser Gly Ser Glu Asp Asp Phe Glu Asp Ile Asp 665 670 675	11284
gaa gta gtg gcc gcc ttt cgag gag gcc cgt ttg aga cat gaa ctg gtt Glu Val Val Ala Ala Phe Arg Glu Ala Arg Leu Arg His Glu Leu Val 680 685 690	11332
gaa gat gct gta tat gaa aac ccg cta agt gta gaa aaa cca tct aga Glu Asp Ala Val Tyr Glu Asn Pro Leu Ser Val Glu Lys Pro Ser Arg 695 700 705	11380
tct ttt act aaa aat gcg gcg gtt aaa cct aaa tta gag gat tca ccg Ser Phe Thr Lys Asn Ala Ala Val Lys Pro Lys Leu Glu Asp Ser Pro 710 715 720	11428
aag cga gct ccc ccg gga gca ggc gca att gcc agc ggg aga cca att Lys Arg Ala Pro Pro Gly Ala Gly Ala Ile Ala Ser Gly Arg Pro Ile 725 730 735 740	11476
tcc ttc agc act gca cca aaa acc gca aca agc tcg tgg tgc ggt cct Ser Phe Ser Thr Ala Pro Lys Thr Ala Thr Ser Ser Trp Cys Gly Pro 745 750 755	11524
acg cca tca tat aac aaa cgc gtc ttt tgt gaa gcg gtc cggt cgc gta Thr Pro Ser Tyr Asn Lys Arg Val Phe Cys Glu Ala Val Arg Arg Val 760 765 770	11572
gcc gcc atg cag gca caa aag gct gcc gaa gcg gct tgg aat agt aat Ala Ala Met Gln Ala Gln Lys Ala Ala Glu Ala Ala Trp Asn Ser Asn 775 780 785	11620
ccc cca agg aat aac gcc gaa tta gac cgt ttg tta acc gga gcc gtt Pro Pro Arg Asn Asn Ala Glu Leu Asp Arg Leu Leu Thr Gly Ala Val 790 795 800	11668
att cgt att acg gtg cat gag ggt tta aat tta ata caa gcc gct aat Ile Arg Ile Thr Val His Glu Gly Leu Asn Leu Ile Gln Ala Ala Asn 805 810 815 820	11716
gaa gca gac cta ggt gaa gga gca tcg gta tcc aaa cgt gga cat aat	11764

Glu Ala Asp Leu Gly Glu Gly Ala Ser Val Ser Lys Arg Gly His Asn			
825	830	835	
cga aaa act gga gat tta cag ggg ggc atg ggt aat gaa cct atg tac			11812
Arg Lys Thr Gly Asp Leu Gln Gly Gly Met Gly Asn Glu Pro Met Tyr			
840	845	850	
gca caa gtt cgt aag cca aaa agt cga acg gat aca caa acg act ggg			11860
Ala Gln Val Arg Lys Pro Lys Ser Arg Thr Asp Thr Gln Thr Thr Gly			
855	860	865	
cgt ata act aat cga agt agg gcc cgt tct gca tca aga act gat acg			11908
Arg Ile Thr Asn Arg Ser Arg Ala Arg Ser Ala Ser Arg Thr Asp Thr			
870	875	880	
cga aaa tag ggatataatt acgcagtaac gggttacccg gtattatgt			11957
Arg Lys			
885			
taataaataa acgtataaaa gacagtcgtg gtttgtttt attataaatg tgtattat			12017
gtcacatatt ataaactgtt taaatagtac cacgtggat tatgaacagt ttataatcag			12077
ttgctaccaa acaaacccta ttagacggcg ggtttgata aaggaaatcg cttatcaa			12137
ctaaagatt tactctataa gt atg gag tgt aat tta gga acc gaa cat cct			12189
Met Glu Cys Asn Leu Gly Thr Glu His Pro			
890	895		
agt aca gat acg tgg aat cgt aat cgt aaa acg gaa caa gcg gtt gtg gac			12237
Ser Thr Asp Thr Trp Asn Arg Ser Lys Thr Glu Gln Ala Val Val Asp			
900	905	910	
gca ttt gat gaa tcg ttg ttt ggt gat gta gca tcg gat att gga ttt			12285
Ala Phe Asp Glu Ser Leu Phe Gly Asp Val Ala Ser Asp Ile Gly Phe			
915	920	925	
gaa acg tcg tta tat tca cat gca gtt aaa act gct ccg tct ccg cct			12333
Glu Thr Ser Leu Tyr Ser His Ala Val Lys Thr Ala Pro Ser Pro Pro			
930	935	940	
tgg gta gct agc cct aaa att tta tat caa cag tta ata cgg gat ctt			12381
Trp Val Ala Ser Pro Lys Ile Leu Tyr Gln Gln Leu Ile Arg Asp Leu			
945	950	955	960
gat ttt tca gaa ggg ccg cgt tta cta tca tgt ctt gaa acc tgg aac			12429
Asp Phe Ser Glu Gly Pro Arg Leu Leu Ser Cys Leu Glu Thr Trp Asn			
965	970	975	
gag gat tta ttc tca tgt ttt cct att aat gag gac cta tat tcc gat			12477

Glu	Asp	Leu	Phe	Ser	Cys	Phe	Pro	Ile	Asn	Glu	Asp	Leu	Tyr	Ser	Asp	
980																990
atg atg gtt tta tcc ccg gat cca gat gac gtt atc tca acc gtt tca 12525																
Met	Met	Val	Leu	Ser	Pro	Asp	Pro	Asp	Asp	Val	Ile	Ser	Thr	Val	Ser	
995																1005
acc aaa gac cat gtt gaa atg ttt aat tta aca acc cgg ggt tcc 12570																
Thr	Lys	Asp	His	Val	Glu	Met	Phe	Asn	Leu	Thr	Thr	Arg	Gly	Ser		
1010																1020
gtt cga ttg cct agt cca cca aag caa ccg acg ggg ctt cca gct 12615																
Val	Arg	Leu	Pro	Ser	Pro	Pro	Lys	Gln	Pro	Thr	Gly	Leu	Pro	Ala		
1025																1035
tac gtt cag gag gtc cag gat tcg ttt acc gta gaa cta cgc gcc 12660																
Tyr	Val	Gln	Glu	Val	Gln	Asp	Ser	Phe	Thr	Val	Glu	Leu	Arg	Ala		
1040																1050
cg gaa gaa gca tac aca aaa cta cta gtt act tat tgt aaa tcg 12705																
Arg	Glu	Glu	Ala	Tyr	Thr	Lys	Leu	Leu	Val	Thr	Tyr	Cys	Lys	Ser		
1055																1065
att ata cgt tat ctccaa gga acg gcg aaa agg acg aca ata ggt 12750																
Ile	Ile	Arg	Tyr	Leu	Gln	Gly	Thr	Ala	Lys	Arg	Thr	Thr	Ile	Gly		
1070																1080
ctt aat ata caa aac cct gac cag aaa gct tac acg caa ctc agg 12795																
Leu	Asn	Ile	Gln	Asn	Pro	Asp	Gln	Lys	Ala	Tyr	Thr	Gln	Leu	Arg		
1085																1095
caa agt att cta ctt aga tat tat cgt gag gtg gca agt ttg gcg 12840																
Gln	Ser	Ile	Leu	Leu	Arg	Tyr	Tyr	Arg	Glu	Val	Ala	Ser	Leu	Ala		
1100																1110
cgt ctt ctg tac cta cat tta tat tta acc gta acg cgt gaa ttt 12885																
Arg	Leu	Leu	Tyr	Leu	His	Leu	Tyr	Leu	Thr	Val	Thr	Arg	Glu	Phe		
1115																1125
tcc tgg cgt ttg tac gcc agt caa tct gca cac ccg gac gtg ttt 12930																
Ser	Trp	Arg	Leu	Tyr	Ala	Ser	Gln	Ser	Ala	His	Pro	Asp	Val	Phe		
1130																1140
gcg gct tta aaa ttc acc tgg acc gaa cgt cga cag ttc acg tgt 12975																
Ala	Ala	Leu	Lys	Phe	Thr	Trp	Thr	Glu	Arg	Arg	Gln	Phe	Thr	Cys		
1145																1155
gcg ttt cat cct gta tta tgc aac cac ggc att gtg tta tta gaa 13020																
Ala	Phe	His	Pro	Val	Leu	Cys	Asn	His	Gly	Ile	Val	Leu	Leu	Glu		
1160																1170

ggg aaa cca cta aca gcg tct	gcc ttg agg gaa ata aat tac cgc	13065
Gly Lys Pro Leu Thr Ala Ser	Ala Leu Arg Glu Ile Asn Tyr Arg	
1175	1180	1185
cgc cga gaa ctg gga ctg cct	cta gtt aga tgt ggt ctt gtt gaa	13110
Arg Arg Glu Leu Gly Leu Pro	Leu Val Arg Cys Gly Leu Val Glu	
1190	1195	1200
gaa aac aaa tct ccg ttg gtt	caa caa ccc tca ttt tcg gtt cat	13155
Glu Asn Lys Ser Pro Leu Val	Gln Gln Pro Ser Phe Ser Val His	
1205	1210	1215
tta cca cg <sup>g</sup> tcg gtg ggt ttt	ctt acc cac cac att aag cgt aag	13200
Leu Pro Arg Ser Val Gly Phe	Leu Thr His His Ile Lys Arg Lys	
1220	1225	1230
tta gac gca tat gcg gtc aaa	cat cct caa ga <sup>a</sup> ccg aga cat gta	13245
Leu Asp Ala Tyr Ala Val Lys	His Pro Gln Glu Pro Arg His Val	
1235	1240	1245
cga gcg gat cat cct tac gca	aaa gtt gtt gaa aat aga aac tac	13290
Arg Ala Asp His Pro Tyr Ala	Lys Val Val Glu Asn Arg Asn Tyr	
1250	1255	1260
ggt agt agc atc gaa gct atg	att tta gca cct ccg tcc cca tcc	13335
Gly Ser Ser Ile Glu Ala Met	Ile Leu Ala Pro Pro Ser Pro Ser	
1265	1270	1275
gag atc ctg ccg ggg gac cca	cca cgc cca ccc acg tgt ggg ttt	13380
Glu Ile Leu Pro Gly Asp Pro	Pro Arg Pro Pro Thr Cys Gly Phe	
1280	1285	1290
tta acg cgt taa acgtcattgg	ggttagagggt gtaaataaat tacgaaaacg	13432
Leu Thr Arg		
1295		
tgcatgcgtt ttttatTTT acaatgcGCC	gtatatggta tgtctgtcat gtgctctaaa	13492
gtccccatata taAAAGAAGC CCCAACGAGT	GTATGCGTAT TGCgtaccgc GACCCTGGGA	13552
tgtttacag gcgcgttgt ttgtctcggt	tataagt atg cag tcg ggt cat tat	13607
	Met Gln Ser Gly His Tyr	
	1300	
aac cgg agg caa tcc cgc cga cag	cg <sup>g</sup> ata tcg tct aat acc aca	13652
Asn Arg Arg Gln Ser Arg Arg Gln	Arg Ile Ser Ser Asn Thr Thr	
1305	1310	1315
gac tcc ccc cgt cac aca cac gga	aca cgt tat cgg tca acc aat	13697

Asp Ser Pro Arg His Thr His Gly Thr Arg Tyr Arg Ser Thr Asn			
1320	1325	1330	
tgg tat aca cac cca ccc cag ata ttg tcc aat tca gaa aca tta			13742
Trp Tyr Thr His Pro Pro Gln Ile Leu Ser Asn Ser Glu Thr Leu			
1335	1340	1345	
gtt gcg gtt caa gaa cta ctg aac tcc gag atg gat cag gac agc			13787
Val Ala Val Gln Glu Leu Leu Asn Ser Glu Met Asp Gln Asp Ser			
1350	1355	1360	
agt tct gac gca tcg gat gat ttt ccg gga tac gcc tta cat cat			13832
Ser Ser Asp Ala Ser Asp Asp Phe Pro Gly Tyr Ala Leu His His			
1365	1370	1375	
tct aca tat aat gga tcc gaa caa aat aca tca act tcc aga cat			13877
Ser Thr Tyr Asn Gly Ser Glu Gln Asn Thr Ser Thr Ser Arg His			
1380	1385	1390	
gaa aat cgc ata ttt aaa tta acg gag agg gaa gct aat gag gaa			13922
Glu Asn Arg Ile Phe Lys Leu Thr Glu Arg Glu Ala Asn Glu Glu			
1395	1400	1405	
atc aac atc aat acg gac gcg atc gac gac gag gga gag gcg gag			13967
Ile Asn Ile Asn Thr Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu			
1410	1415	1420	
gag gga gag gcg gag gag gac gcg atc gac gac gag gga gag gcg			14012
Glu Gly Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala			
1425	1430	1435	
gag gag gga gag gcg gag gag gac gac att gac gac gag gga gag			14057
Glu Glu Gly Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu			
1440	1445	1450	
gcg gag gag gga gag gcg gag gag gac gcg att gac gac gag gga			14102
Ala Glu Glu Gly Glu Ala Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly			
1455	1460	1465	
gag gcg gag gag gga gag gcg gag gag gac gac gac gac gag gga			14147
Glu Ala Glu Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly			
1470	1475	1480	
gag gcg gag gag gac gcg atc gac gac gag gga gag gcg gag gac			14192
Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu			
1485	1490	1495	
gac gcg gcg gag gag gac gcg atc gac gac gag gga gag gcg gag			14237
Asp Ala Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu			
1500	1505	1510	

gag gat tat ttt tct gta agt caa gtt tgc agt cga gac gcg gat		14282
Glu Asp Tyr Phe Ser Val Ser Gln Val Cys Ser Arg Asp Ala Asp		
1515 1520 1525		
gag gtt tat ttt acg tta gac ccg gaa ata agt tac agt acc gat		14327
Glu Val Tyr Phe Thr Leu Asp Pro Glu Ile Ser Tyr Ser Thr Asp		
1530 1535 1540		
ctt cgc att gca aag gtt atg gag cct gcg gta tca aag gaa ctt		14372
Leu Arg Ile Ala Lys Val Met Glu Pro Ala Val Ser Lys Glu Leu		
1545 1550 1555		
aat gta tca aaa cgt tgt gtt gaa cct gtt acc cta aca ggc tct		14417
Asn Val Ser Lys Arg Cys Val Glu Pro Val Thr Leu Thr Gly Ser		
1560 1565 1570		
atg tta gcg cat aat ggg ttt gat gag tcc tgg ttt gct atg cgc		14462
Met Leu Ala His Asn Gly Phe Asp Glu Ser Trp Phe Ala Met Arg		
1575 1580 1585		
gaa tgt acc cgt cgc gaa tat att acg gtc caa gga tta tac gac		14507
Glu Cys Thr Arg Arg Glu Tyr Ile Thr Val Gln Gly Leu Tyr Asp		
1590 1595 1600		
cca att cat tta cggt tat cag ttt gat act tcc cgg atg aca ccc		14552
Pro Ile His Leu Arg Tyr Gln Phe Asp Thr Ser Arg Met Thr Pro		
1605 1610 1615		
cca cag att ttg aga act ata cca gcc ctt cct aac atg aca ctt		14597
Pro Gln Ile Leu Arg Thr Ile Pro Ala Leu Pro Asn Met Thr Leu		
1620 1625 1630		
ggt gaa ctt tta ttg att ttt cct att gaa ttt atg gcc cag cca		14642
Gly Glu Leu Leu Leu Ile Phe Pro Ile Glu Phe Met Ala Gln Pro		
1635 1640 1645		
att tct ata gaa cgt att tta gtt gaa gat gta ttt tta gat agg		14687
Ile Ser Ile Glu Arg Ile Leu Val Glu Asp Val Phe Leu Asp Arg		
1650 1655 1660		
cgg gct tcc agt aaa aca cat aaa tac ggc ccg cgt tgg aat tcc		14732
Arg Ala Ser Ser Lys Thr His Lys Tyr Gly Pro Arg Trp Asn Ser		
1665 1670 1675		
gtc tac gca ctt cca tat aat gcg ggt aaa atg tat gta caa cac		14777
Val Tyr Ala Leu Pro Tyr Asn Ala Gly Lys Met Tyr Val Gln His		
1680 1685 1690		
att cct ggg ttt tat gac gtg tcc tta cgt gct gtg ggc caa gga		14822

Ile Pro Gly Phe Tyr Asp Val Ser Leu Arg Ala Val Gly Gln Gly			
1695 1700 1705			
acg gcc att tgg cat cac atg ata tta tcc aca gca gca tgc gct			14867
Thr Ala Ile Trp His His Met Ile Leu Ser Thr Ala Ala Cys Ala			
1710 1715 1720			
att tct aat cgc att tca cat gga gat gga tta gga ttt ttg tta			14912
Ile Ser Asn Arg Ile Ser His Gly Asp Gly Leu Gly Phe Leu Leu			
1725 1730 1735			
gac gcg gca att cgt att agc gca aac tgt att ttt ttg gga cgt			14957
Asp Ala Ala Ile Arg Ile Ser Ala Asn Cys Ile Phe Leu Gly Arg			
1740 1745 1750			
aac gat aat ttt ggc gtg ggg gat cca tgt tgg tta gaa gac cat			15002
Asn Asp Asn Phe Gly Val Gly Asp Pro Cys Trp Leu Glu Asp His			
1755 1760 1765			
ctt gcc gga tta cca cga gaa gcc gta ccc gac gta ctc caa gtg			15047
Leu Ala Gly Leu Pro Arg Glu Ala Val Pro Asp Val Leu Gln Val			
1770 1775 1780			
aca cag ttg gtt ttg cca aat cgg ggt cca acg gtt gcc att atg			15092
Thr Gln Leu Val Leu Pro Asn Arg Gly Pro Thr Val Ala Ile Met			
1785 1790 1795			
cgt ggt ttt ttt ggg gcg ttg gca tat tgg ccc gaa cta aga att			15137
Arg Gly Phe Phe Gly Ala Leu Ala Tyr Trp Pro Glu Leu Arg Ile			
1800 1805 1810			
gct ata agt gaa cca tct aca tct ttg gtg cga tat gct acc ggt			15182
Ala Ile Ser Glu Pro Ser Thr Ser Leu Val Arg Tyr Ala Thr Gly			
1815 1820 1825			
cac atg gaa ctt gcc gaa tgg ttt tta ttt tca cgt aca cat agt			15227
His Met Glu Leu Ala Glu Trp Phe Leu Phe Ser Arg Thr His Ser			
1830 1835 1840			
tta aag cca caa ttt acc cca acg gaa cg gaa atg tta gcg tca			15272
Leu Lys Pro Gln Phe Thr Pro Thr Glu Arg Glu Met Leu Ala Ser			
1845 1850 1855			
ttt ttt acg ttg tat gtt act ctt ggt gga gga atg ttg aac tgg			15317
Phe Phe Thr Leu Tyr Val Thr Leu Gly Gly Gly Met Leu Asn Trp			
1860 1865 1870			
atc tgt aga gca act gca atg tat tta gct gct cct tac cat tcc			15362
Ile Cys Arg Ala Thr Ala Met Tyr Leu Ala Ala Pro Tyr His Ser			
1875 1880 1885			

cgt tcg gct tac atc gcg gtc tgt gaa tct ctg ccc tat tac tat Arg Ser Ala Tyr Ile Ala Val Cys Glu Ser Leu Pro Tyr Tyr Tyr 1890 1895 1900	15407
atc ccg gtt aat agt gac ctg tta tgt gat tta gag gta tta ctg Ile Pro Val Asn Ser Asp Leu Leu Cys Asp Leu Glu Val Leu Leu 1905 1910 1915	15452
tta ggc gag gtc gac ctc cca act gtt tgt gaa tcc tac gca act Leu Gly Glu Val Asp Leu Pro Thr Val Cys Glu Ser Tyr Ala Thr 1920 1925 1930	15497
att gca cac gaa tta acc gga tat gag gct gtt cgc aca gca gcc Ile Ala His Glu Leu Thr Gly Tyr Glu Ala Val Arg Thr Ala Ala 1935 1940 1945	15542
aca aat ttt atg ata gag ttt gcc gat tgt tat aag gaa agt gag Thr Asn Phe Met Ile Glu Phe Ala Asp Cys Tyr Lys Glu Ser Glu 1950 1955 1960	15587
acc gat tta atg gta agc gcg tac ctg ggg gcc gtt tta ttg tta Thr Asp Leu Met Val Ser Ala Tyr Leu Gly Ala Val Leu Leu Leu 1965 1970 1975	15632
caa cgg gtg ttg ggt cat gca aat ctt ctt ttg ttg ctt ctc tcc Gln Arg Val Leu Gly His Ala Asn Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ser 1980 1985 1990	15677
ggt gct gcg ttg tac gga gga tgt tca att tac atc ccc cga ggt Gly Ala Ala Leu Tyr Gly Gly Cys Ser Ile Tyr Ile Pro Arg Gly 1995 2000 2005	15722
att tta gat gca tat aat act tta atg ttg gca gca agt cct ctt Ile Leu Asp Ala Tyr Asn Thr Leu Met Leu Ala Ala Ser Pro Leu 2010 2015 2020	15767
tac gct cac caa act tta aca tcc ttt tgg aaa gac cgc gat gat Tyr Ala His Gln Thr Leu Thr Ser Phe Trp Lys Asp Arg Asp Asp 2025 2030 2035	15812
gca atg caa act ttg ggg att cga ccg aca acg gac gtt tta ccc Ala Met Gln Thr Leu Gly Ile Arg Pro Thr Thr Asp Val Leu Pro 2040 2045 2050	15857
aaa gag caa gac agg ata gtt cag gca tca cct ata gag atg aac Lys Glu Gln Asp Arg Ile Val Gln Ala Ser Pro Ile Glu Met Asn 2055 2060 2065	15902
ttc cgt ttt gtg gga ttg gag acc atc tat ccc cga gaa cag ccc 15947	

Phe Arg Phe Val Gly Leu Glu Thr Ile Tyr Pro Arg Glu Gln Pro		
2070 2075 2080		
att ccc tcc gtg gac cta gcc gaa aat ctt atg caa tac agg aat		15992
Ile Pro Ser Val Asp Leu Ala Glu Asn Leu Met Gln Tyr Arg Asn		
2085 2090 2095		
gaa att ctg ggt ttg gat tgg aaa agc gta gcc atg cat tta cta		16037
Glu Ile Leu Gly Leu Asp Trp Lys Ser Val Ala Met His Leu Leu		
2100 2105 2110		
cga aaa tat taa gggttgtat tttttcatt aggtgaaaa gaacgttcc		16089
Arg Lys Tyr		
2115		
tagccacacc cacaaaggag ttgtaaaat aaaatctctg tttagacctt aaaattgtt		16149
gtgtgtgttg tgtgggggtt ccgtgaggat cgacctttac aagatataat ttgtccatat		16209
cgca atg ttt tct cgg ttt gcg cgt tcc ttt tcc agc gat gat aga		16255
Met Phe Ser Arg Phe Ala Arg Ser Phe Ser Ser Asp Asp Arg		
2120 2125		
acg cgt aaa tct tat gat ggt agt tac caa agt ttt aat gcc ggc		16300
Thr Arg Lys Ser Tyr Asp Gly Ser Tyr Gln Ser Phe Asn Ala Gly		
2130 2135 2140		
gaa cgt gat ttg ccc aca cct acc cgg gac tgg tgt tct att tcc		16345
Glu Arg Asp Leu Pro Thr Pro Thr Arg Asp Trp Cys Ser Ile Ser		
2145 2150 2155		
caa cgc ata acc agc gag cgc gtg agg gat gga tgt ctt att cca		16390
Gln Arg Ile Thr Ser Glu Arg Val Arg Asp Gly Cys Leu Ile Pro		
2160 2165 2170		
acg ccc ggc gag gct ttg gag acg gcg gta aag gct tta tct gaa		16435
Thr Pro Gly Glu Ala Leu Glu Thr Ala Val Lys Ala Leu Ser Glu		
2175 2180 2185		
aag acc gac agc cta aca tcg ccg gtt tta caa agt acc gaa aga		16480
Lys Thr Asp Ser Leu Thr Ser Pro Val Leu Gln Ser Thr Glu Arg		
2190 2195 2200		
cac agt gtt ctg ctt gga tta cac cat aat aat gtt cct gaa tcg		16525
His Ser Val Leu Leu Gly Leu His His Asn Asn Val Pro Glu Ser		
2205 2210 2215		
ttg gtg gtc tcg tgt atg tct aac gat gtt cat gac ggg ttt atg		16570
Leu Val Val Ser Cys Met Ser Asn Asp Val His Asp Gly Phe Met		
2220 2225 2230		

cag	cgt tat atg gaa aca	att caa aga tgt ttg	gat gac ctg aaa	16615
Gln	Arg Tyr Met Glu Thr	Ile Gln Arg Cys Leu	Asp Asp Leu Lys	
2235	2240	2245		
ctt	tct ggg gat gga ctt	tgg tgg gtt tat gaa	aat aca tat tgg	16660
Leu	Ser Gly Asp Gly Leu	Trp Trp Val Tyr Glu	Asn Thr Tyr Trp	
2250	2255	2260		
cag	tat ctc aaa tac acc	aca gga gcc gag gta	ccg gtg act tca	16705
Gln	Tyr Leu Lys Tyr Thr	Thr Gly Ala Glu Val	Pro Val Thr Ser	
2265	2270	2275		
gag	aag gta aat aaa aag	tct aaa tcc acg gtt	ttg ttg ttt tca	16750
Glu	Lys Val Asn Lys Lys	Ser Lys Ser Thr Val	Leu Leu Phe Ser	
2280	2285	2290		
tcc	gta gtt gcc aat aaa	cca ata tcc aga cat	cct ttt aaa tct	16795
Ser	Val Val Ala Asn Lys	Pro Ile Ser Arg His	Pro Phe Lys Ser	
2295	2300	2305		
aaa	gtt ata aat tcg gat	tac cgg gga ata tgt	cag gag cta cgt	16840
Lys	Val Ile Asn Ser Asp	Tyr Arg Gly Ile Cys	Gln Glu Leu Arg	
2310	2315	2320		
gag	gcg tta gga gct gtg	caa aag tat atg tat	ttt atg cgt cca	16885
Glu	Ala Leu Gly Ala Val	Gln Lys Tyr Met Tyr	Phe Met Arg Pro	
2325	2330	2335		
gat	gat cct aca aac ccc	agc ccg gat aca aga	ata cgt gta caa	16930
Asp	Asp Pro Thr Asn Pro	Ser Pro Asp Thr Arg	Ile Arg Val Gln	
2340	2345	2350		
gaa	att gcg gct tac acg	gct act ggc tac ggg	tgg atg tta tgg	16975
Glu	Ile Ala Ala Tyr Thr	Ala Thr Gly Tyr Gly	Trp Met Leu Trp	
2355	2360	2365		
ttc	ttg gac gtt gtg gac	gcc agg gta tgt cgc	cat ctc aaa ctt	17020
Phe	Leu Asp Val Val Asp	Ala Arg Val Cys Arg	His Leu Lys Leu	
2370	2375	2380		
caa	ttt cga cgg att cga	ggg ccg cgc gcg tct	gtt att cca gat	17065
Gln	Phe Arg Arg Ile Arg	Gly Pro Arg Ala Ser	Val Ile Pro Asp	
2385	2390	2395		
gat	ttg ctt aga cga cat	tta aaa acg ggt cct	gcg gtc tca gcg	17110
Asp	Leu Leu Arg Arg His	Leu Lys Thr Gly Pro	Ala Val Ser Ala	
2400	2405	2410		
ggc	aca gga gtt gcg ttt	att tta gca gca aca	act gcc agc gct	17155

Gly	Thr	Gly	Val	Ala	Phe	Ile	Leu	Ala	Ala	Thr	Thr	Ala	Ser	Ala		
2415																
															2420	
															2425	
ctt	act	gcg	ctt	ttg	cgt	att	agt	gta	tta	tgg	cga	aag	gaa	gag	17200	
Leu	Thr	Ala	Leu	Leu	Arg	Ile	Ser	Val	Leu	Trp	Arg	Lys	Glu	Glu		
2430															2435	
															2440	
tgg	cg	gat	ggt	tta	aat	gga	acc	gca	gct	gca	att	gtt	g	cg	17245	
Trp	Arg	Asp	Gly	Leu	Asn	Gly	Thr	Ala	Ala	Ala	Ile	Val	Ala	Ala		
2445															2450	
															2455	
gtt	gaa	ctt	att	acg	ctt	ttg	cac	cac	cat	ttt	caa	tac	tta	att	17290	
Val	Glu	Leu	Ile	Thr	Leu	Leu	His	His	His	Phe	Gln	Tyr	Leu	Ile		
2460															2465	
															2470	
aat	atg	atg	ctt	att	gga	tat	gca	tgt	tgg	ggg	gat	ggg	gga	tta	17335	
Asn	Met	Met	Leu	Ile	Gly	Tyr	Ala	Cys	Trp	Gly	Asp	Gly	Gly	Leu		
2475															2480	
															2485	
aac	gat	cct	tat	ata	tta	aag	g	cg	cta	cgt	gcc	cag	gga	cg	17380	
Asn	Asp	Pro	Tyr	Ile	Leu	Lys	Ala	Leu	Arg	Ala	Gln	Gly	Arg	Phe		
2490															2495	
															2500	
tta	tat	ttt	g	cg	ggt	cag	ttg	gtc	aga	aca	atg	tca	aca	cac	agt	17425
Leu	Tyr	Phe	Ala	Gly	Gln	Leu	Val	Arg	Thr	Met	Ser	Thr	His	Ser		
2505															2510	
															2515	
tgg	gtt	gt	tt	gag	acc	agc	acc	cat	atg	tgg	ttt	tcc	cg	gg	cc	17470
Trp	Val	Val	Leu	Glu	Thr	Ser	Thr	His	Met	Trp	Phe	Ser	Arg	Ala		
2520															2525	
															2530	
gtg	g	cg	cag	agt	att	tta	gca	cat	ggg	ggt	aaa	ccc	aca	aag	tat	17515
Val	Ala	Gln	Ser	Ile	Leu	Ala	His	Gly	Gly	Lys	Pro	Thr	Lys	Tyr		
2535															2540	
															2545	
tat	gct	cag	gtt	ctt	gcc	gcc	agt	aaa	cgg	tat	act	ccg	tta	cat	17560	
Tyr	Ala	Gln	Val	Leu	Ala	Ala	Ser	Lys	Arg	Tyr	Thr	Pro	Leu	His		
2550															2555	
															2560	
tta	aga	cgt	ata	tcc	gaa	cca	tcg	agt	gtg	tct	gat	cag	ccg	tat	17605	
Leu	Arg	Arg	Ile	Ser	Glu	Pro	Ser	Ser	Val	Ser	Asp	Gln	Pro	Tyr		
2565															2570	
															2575	
att	cgt	ttt	aat	cga	ctg	gga	tct	cca	ata	ggg	aca	ggt	ata	ggg	17650	
Ile	Arg	Phe	Asn	Arg	Leu	Gly	Ser	Pro	Ile	Gly	Thr	Gly	Ile	Gly		
2580															2585	
															2590	
aat	ttg	gaa	tgt	gtc	tgt	tta	acg	gga	aat	tat	tta	tct	gac	gac	17695	
Asn	Leu	Glu	Cys	Val	Cys	Leu	Thr	Gly	Asn	Tyr	Leu	Ser	Asp	Asp		
2595															2600	
															2605	

gta	aat gca agt tcg cat	gta att aat aca gaa	gca ccg tta aac	17740
Val	Asn Ala Ser Ser His	Val Ile Asn Thr Glu	Ala Pro Leu Asn	
2610	2615	2620		
agt	ata gca ccc gat aca	aat aga cag cg act	tct cgc gtt tta	17785
Ser	Ile Ala Pro Asp Thr	Asn Arg Gln Arg Thr	Ser Arg Val Leu	
2625	2630	2635		
gtt	cgt cca gac acg ggt	ttg gat gta act gtc	cga aaa aac cac	17830
Val	Arg Pro Asp Thr Gly	Leu Asp Val Thr Val	Arg Lys Asn His	
2640	2645	2650		
tgt	ctg gac ata ggc cat	acg gac ggt agt cca	gtt gac cca acg	17875
Cys	Leu Asp Ile Gly His	Thr Asp Gly Ser Pro	Val Asp Pro Thr	
2655	2660	2665		
tat	cct gat cat tac acc	cgg ata aag gcg gaa	tat gaa ggt ccg	17920
Tyr	Pro Asp His Tyr Thr	Arg Ile Lys Ala Glu	Tyr Glu Gly Pro	
2670	2675	2680		
gtt	cgg gat gaa tca aac	aca atg ttt gac caa	aga tcg gat tta	17965
Val	Arg Asp Glu Ser Asn	Thr Met Phe Asp Gln	Arg Ser Asp Leu	
2685	2690	2695		
cgt	cac ata gaa acc caa	gca tct tta aat gat	cac gta tat gaa	18010
Arg	His Ile Glu Thr Gln	Ala Ser Leu Asn Asp	His Val Tyr Glu	
2700	2705	2710		
aat	ata cca ccc aag gaa	gtg ggt ttt aac tca	tct tca gac ctg	18055
Asn	Ile Pro Pro Lys Glu	Val Gly Phe Asn Ser	Ser Ser Asp Leu	
2715	2720	2725		
gat	gtg gat agc ctt aac	ggg tac acc tcc gga	gac atg cat aca	18100
Asp	Val Asp Ser Leu Asn	Gly Tyr Thr Ser Gly	Asp Met His Thr	
2730	2735	2740		
gac	gat gac tta tca cca	gat ttt ata ccc aac	gac gtt ccc gtt	18145
Asp	Asp Asp Leu Ser Pro	Asp Phe Ile Pro Asn	Asp Val Pro Val	
2745	2750	2755		
aga	tgt aaa acc acg gtt	acg ttt agg aaa aat	acg cct aag agt	18190
Arg	Cys Lys Thr Thr Val	Thr Phe Arg Lys Asn	Thr Pro Lys Ser	
2760	2765	2770		
cat	cat taa gtacagcggt taatagatag ttatggacta ggcaactttgg			18239
His	His			
2775				
cggtcatttc	cacaaccagg ttaaaattgg gggatttggg agaaaaatagt ctattgcgt			18299

ttttctgttc aataattgga ctgcgttatt taaaggtctg attggttgat tgggttataa 18359  
 aaggaattac tccttaaat ttacttaat gtacccacaa tatcaagtgg tcgttgtat 18419  
 ttaacgatta ttaccggta c atg gga gac ttg tca tgt tgg aca aag gtg 18470  
                   Met Gly Asp Leu Ser Cys Trp Thr Lys Val  
                   2780                         2785  
  
 ccg ggt ttt acg tta acc ggc gaa ctt cag tac tta aaa caa gtg 18515  
 Pro Gly Phe Thr Leu Thr Gly Glu Leu Gln Tyr Leu Lys Gln Val  
                   2790                         2795                         2800  
  
 gat gat att tta agg tat gga gtt cgg aaa cgc gat cga aca gga 18560  
 Asp Asp Ile Leu Arg Tyr Gly Val Arg Lys Arg Asp Arg Thr Gly  
                   2805                         2810                         2815  
  
 atc gga acg tta tct tta ttt gga atg caa gct cga tac aat ttg 18605  
 Ile Gly Thr Leu Ser Leu Phe Gly Met Gln Ala Arg Tyr Asn Leu  
                   2820                         2825                         2830  
  
 cga aat gaa ttt cct ctt tta act aca aag cgt gtt ttt tgg agg 18650  
 Arg Asn Glu Phe Pro Leu Leu Thr Thr Lys Arg Val Phe Trp Arg  
                   2835                         2840                         2845  
  
 gcc gtc gtg gaa gag ttg tta tgg ttt atc cgc ggg tca acc gat 18695  
 Ala Val Val Glu Glu Leu Leu Trp Phe Ile Arg Gly Ser Thr Asp  
                   2850                         2855                         2860  
  
 tcc aaa gaa ctc gcc gct aaa gat ata cac ata tgg gat ata tac 18740  
 Ser Lys Glu Leu Ala Ala Lys Asp Ile His Ile Trp Asp Ile Tyr  
                   2865                         2870                         2875  
  
 gga tcg agc aaa ttt cta aat agg aat ggc ttc cat aaa aga cac 18785  
 Gly Ser Ser Lys Phe Leu Asn Arg Asn Gly Phe His Lys Arg His  
                   2880                         2885                         2890  
  
 acg ggg gac ctt ggc ccc att tac ggc ttc cag tgg aga cat ttt 18830  
 Thr Gly Asp Leu Gly Pro Ile Tyr Gly Phe Gln Trp Arg His Phe  
                   2895                         2900                         2905  
  
 gga gcg gaa tat aaa gac tgtcaa tca aac tat tta cag caa gga 18875  
 Gly Ala Glu Tyr Lys Asp Cys Gln Ser Asn Tyr Leu Gln Gln Gly  
                   2910                         2915                         2920  
  
 atc gat cag ctg caa act gtt ata gat aca att aaa aca aac cca 18920  
 Ile Asp Gln Leu Gln Thr Val Ile Asp Thr Ile Lys Thr Asn Pro  
                   2925                         2930                         2935  
  
 gaa agc cga cga atg att ata tcg tct tgg aat cca aag gat atc 18965

Glu Ser Arg Arg	Met Ile Ile Ser Ser	Trp Asn Pro Lys Asp	Ile	
2940	2945	2950		
ccc tta atg gta	cta cct cca tgt cac	acg tta tgt cag ttt	tac	19010
Pro Leu Met Val	Leu Pro Pro Cys His	Thr Leu Cys Gln Phe	Tyr	
2955	2960	2965		
gtt gca aac ggt	gaa tta tcc tgc caa	gta tac cag aga tcg	ggg	19055
Val Ala Asn Gly	Glu Leu Ser Cys Gln	Val Tyr Gln Arg Ser	Gly	
2970	2975	2980		
gat atg ggc ctt	ggg gta ccg ttc aac	att gct gga tat gca	ctt	19100
Asp Met Gly Leu	Gly Val Pro Phe Asn	Ile Ala Gly Tyr Ala	Leu	
2985	2990	2995		
ctt acc tac ata	gta gcg cat gtt aca	gga ctt aaa acc gga	gat	19145
Leu Thr Tyr Ile	Val Ala His Val Thr	Gly Leu Lys Thr Gly	Asp	
3000	3005	3010		
tta att cat aca	atg ggg gat gca cat	att tac ttg aat cat	ata	19190
Leu Ile His Thr	Met Gly Asp Ala His	Ile Tyr Leu Asn His	Ile	
3015	3020	3025		
gat gct tta aaa	gtg cag cta gct cga	tcc cca aaa cct ttt	cct	19235
Asp Ala Leu Lys	Val Gln Leu Ala Arg	Ser Pro Lys Pro Phe	Pro	
3030	3035	3040		
tgc ctt aaa att	att cga aat gta aca	gat ata aac gac ttt	aaa	19280
Cys Leu Lys Ile	Ile Arg Asn Val Thr	Asp Ile Asn Asp Phe	Lys	
3045	3050	3055		
tgg gac gat ttt	cag ctt gat gga tat	aat cca cac ccc ccc	cta	19325
Trp Asp Asp Phe	Gln Leu Asp Gly Tyr	Asn Pro His Pro Pro	Leu	
3060	3065	3070		
aaa atg gaa atg	gct ctt taa tggattttta	aatgttgtca	agacagttaga	19376
Lys Met Glu Met	Ala Leu			
3075				
tgtgttgcga	atgtaataaa	atgatataca	cagacgcgtt	19436
acagcaacgg	atgcataggg	ttgcgataac	tgcgataaga	19496
tatcacacca	attataactg	ctacaacgga	aaatgttagtg	19556
ggtataaacg	gccgaaaacg	gaggaaattt	tttagggtaa	19616
ggtgataggt	ccgtcgagtt	ccgatgtgg	acaagaacct	19676
gttttcatca	cacacccag	taatctcact	gtttcgtgg	19736

ccaccatacg aaatgtacaa cgccacgtgg cacacattt gccgtacata ctatgtgtcc 19796  
 atcaataata cctatagaca cgttggaaa tggatagacg tcagggtaa cgacagcaga 19856  
 atatttcata ttagagacgc catcccgaat ccataaaaca ttacattgga tggctgggg 19916  
 tggtaatcc atttgtttt gctgtgaaat tcgtaccgcc gaaacataac taaataatcc 19976  
 attggcatat tcttgtattt catcggttat aaaattttt ccgatgttac caaaccttga 20036  
 agtccaccga acacgttaccg agtgcggtgg ataatactt gatacggttac agtaggctgc 20096  
 gtatgtctgt ccggtaaga ctggatcgcc gacaacggta atatttggac gataatacgt 20156  
 tgtaactgta atactgtgtt ccgatatgac gttcttagtt tttgttattaa cgactcgcca 20216  
 aatatacggtt ccctccgtgg tagcatccat agataaaatt gttacagaaa aatcagacgt 20276  
 tgtttaaca tctggattt cataattttc cttagcgtgt gtaaatatct cagggttgtt 20336  
 tattaagttt aaatcggtcac tggtgctata taacataacc ggttaatctg gcatcggtat 20396  
 taacgcattt cccagttgac ggtgcggatc tataaggta cgctaaacc aaacttcaat 20456  
 atgaagatcg gggcgtataa gcgacttcca cttgttata tttgaacctt ccggatctaa 20516  
 agaatattgt tcatatgttt tttgttgctg cttaaaggcc gcctgttgc cggtcgtag 20576  
 acgcatgtttaa caaggcatga taaatgtgtg aaaaatagggt atggattgtt ttccgcgtg 20636  
 aacgcattgtt atattttcat atagaaaagg tgggtgtgaa tgggtgggtgt tggctgcggg 20696  
 atcgggcttt cgggaagcgg ccgaggtggg cgacggcgg ggatcgggct ttcgggttagc 20756  
 ggccgagggtg ggcgcgacgg cgggatcggtt ctgtggaa gcggccgagg tggcgac 20816  
 ggcgggatcg ggcttcggg tagcggccga ggtggcgccg acggcgggat cgggcttcg 20876  
 ggaagcggcc gaggtggcgcg cgacggcggg atcgggcttt cgggaagcgg ccgaggtggg 20936  
 cgcgacggcgg ggatcgggct ttggaaagc ggccgagggtg ggacgcggcgg cgggatcg 20996  
 ctgtggta gcggccgagg tatataattt agttataactt acgggtgtgg gttgagattc 21056  
 agtcgataat tgtatacactg cgatcgtaa aattaaattt atttgtatcc gtttcatttc 21116  
 gggttttattt gacacatcca cgctccctt aaataaaaga ttaaaacacc caccgcggaa 21176  
 tttaaatgat ggaaacgttt ttggacat tggaaataat aaaaacggct ttggcaactt 21236

taaaaaactt atttatctcg attacgatac atatgtacca catagatgc atagatttat 21296  
tataatataa acacacacgt gatatacttt agtgatatga gatgccataa aacagtcaat 21356  
aggtttaacg ctttagtctca tcatactgaat acacgtcaaa cccggcgc当地 21416  
tagaattata atagctcccc atgaaatgcc ggcaaatgtt acagctatac ccgtcaccga 21476  
ggtcgttgta tataatacaa ttacccatag gttttttt tcttgatata aaacggcaaa 21536  
accctgttaac ccaaattgcta taatatgacc tcctattgaa actgctaacg ttacttgt 21596  
aagtttgata aaatgattta atttaattat atgtgagatt gcccacatta atgggtaac 21656  
tatataataac accggggta taacagacat tatacgaatt ccttaaaca cgcgttaag 21716  
ggtccggaa ctcttcgtat ggtcacatac tctccgc当地 tcattttgt tatataaca 21776  
ggcaaaacct aaatctgtat aagtgttta ttgcttatgg cgattttac gatataataca 21836  
cgtatcttgc aaatcggtgg cggcatcgac aattgaaact agtgtgacaa tagatataca 21896  
caatccaata agaacctcat atttactgac atacatataaaaataacgg ttagtaaacc 21956  
tcccaaccca gttcccaaca tcataacata aaaataaata tgcggccat tgaatgtcgt 22016  
aacaaggtagt tagtaatgga tatgcacagc agccactgtt ccggtaatcg cggtatgg 22076  
aattcccagt aattctacaa atggaagatc ccggatattt gggcaaccaa ccgcccataa 22136  
cacagcaaaa cccaacacga ccaccgtctg caaacatcgt cccaaattttg ctaatgtcgt 22196  
tagaaatttc acggatgtt ggcataaccc cgaaacgacg atcaacccca taatagttgc 22256  
attgacggca gcttcgcaga cgtgatattt taaaattaac ccggacgtga taacgcttgc 22316  
ttgttagtccc acgagaaaaca accgcgtatgc tgaggttatt gcacacgaat tacatttttgc 22376  
agggtttccg acacatcctt ggattgattt agcgc当地 gatttccgattt aattctctgt ctaacacacc 22436  
cagggtttca tcattggacag ctcttcacc attcacggcc atgtcttaag tttaataattt 22496  
caaaaacaaat aaaaatgtgt tcatactatgg tacacacaag ttgtatgtaaatataaagc 22556  
aaaagttgca cttatataac tgtacatatt acgtcagatt cacgtataa ttcagaataa 22616  
tccagggttc ctgcagggtc cactggagga gccacacaat attcgc当地 tccgattttcc 22676  
tcctgccatg tggtttcggg gagtttcccc cccatttat ttccggattt ttttcgttt 22736

ctttttgtta ataaattgcg tctttttt aatggtggtt catccttcac agattccatg 22796  
 ttgc当地ata attgcatcga ggttaatttt tcttaaggt ctttggact taagaacgtt 22856  
 gcataaaaaa aagaatgcac gggtgcgaa cgttggatat acaatccaac catggggag 22916  
 ttagttaagg cgagataaaa attaatataa cacgtctcat cccgtgttaa cttaaagattt 22976  
 tgtacggcag aacggaatcc actgtgtgtt tccaataata ctccaaattc acgcataactc 23036  
 ccgctgccat aaacaacatt attaaggatc cttttgaat ttgtgattga gcgtattaaa 23096  
 ttatatggtg taggcttgct tccgttata tccaaggaaa cattaaatga gataaaacca 23156  
 cccccggcgg tctggatgta catatccgtg gctgttagaa tgaagcatgt tgtaaaccca 23216  
 aaagtttaa gtagtcgctg taaacgggtg aattgatcgc gtttaagca aatgcttata 23276  
 tctggaggtt gattggaaa catcatgta taacaagcga gttcacgtt tacaacttgt 23336  
 ttgtAACATT gtacttgatc atctggacca caatcacccg ggcgttgcca taccatcggt 23396  
 tggataatac tccgctcggtt ggggtgtccg gtaaatttaa aatataaccg tgggggttc 23456  
 gacggatctt ttgtatggcg aaacgcgtca ataagcgagg accgtccctc cggtcccg 23516  
 agtacaacca ttctcgcccc agtccaatta tactggtcaa acatattgc cggtatagga 23576  
 atatacagt gttctgtttc caaactacag tgaataatta atccttcgtc gctgaatatt 23636  
 aaaatagaat cccttagtct attaaccaga ggtgatatac acgaaattaa accagtaagc 23696  
 gtttttccg ttaaaacagc tctggcgatt tctgggcgt caaaacccgc atgcaattcc 23756  
 atgtccaaag catcgctgt acgcgacccaaatccataa ttactactt aaaatgtta 23816  
 ctatagaaaa agtaatcata tgtaaacaca cgagttcgt taatatgttt gtttaacccg 23876  
 atccggtgac ttaagtacat aaacaggcat gatattgaa tagtacggcc catgggaggg 23936  
 aacatttcca cgtgttccaa tacaggggt gttccttaat agggactgtg caataaaata 23996  
 cgtaagaagt taccagattt gatgtaatgt ttgtcataaa aaatatgtac atcatttat 24056  
 acgtctgttaa ttaacacaag atcacatcga agaattactg aagccgctgt gaaaccttc 24116  
 acaagacgt ataaacttgg ttaagtgtat tg atg ggg ctc ttt gga ctg aca 24169  
 Met Gly Leu Phe Gly Leu Thr  
 3080

cgc	ttt atc cat gaa cat	aaa ctg gtt aaa ccc	agc atc att tca	24214
Arg	Phe Ile His Glu His	Lys Leu Val Lys Pro	Ser Ile Ile Ser	
3085	3090	3095		
acg	cca ccc gga gtt tta	acc ccc gtg gcg gta	gac gta tgg aac	24259
Thr	Pro Pro Gly Val Leu	Thr Pro Val Ala Val	Asp Val Trp Asn	
3100	3105	3110		
gtc	atg tac aca ttg ttg	gaa cgt tta tac cct	gtg ggt aaa cgc	24304
Val	Met Tyr Thr Leu Leu	Glu Arg Leu Tyr Pro	Val Gly Lys Arg	
3115	3120	3125		
gag	aat tta cac gga cca	tct gta acg ata cat	tgt ctt gga gtc	24349
Glu	Asn Leu His Gly Pro	Ser Val Thr Ile His	Cys Leu Gly Val	
3130	3135	3140		
tta	ttg cgg cta tta aca	caa cgg tca tac tat	ccg ata ttt gta	24394
Leu	Leu Arg Leu Leu Thr	Gln Arg Ser Tyr Tyr	Pro Ile Phe Val	
3145	3150	3155		
ttg	gaa cgt tgt aca gac	ggc cca tta tca cgt	gga gcc aag gca	24439
Leu	Glu Arg Cys Thr Asp	Gly Pro Leu Ser Arg	Gly Ala Lys Ala	
3160	3165	3170		
att	atg tca cgg gcc atg	aac cac gat gaa agg	gga acc tcg gac	24484
Ile	Met Ser Arg Ala Met	Asn His Asp Glu Arg	Gly Thr Ser Asp	
3175	3180	3185		
tta	acc cgt gtt cta cta	tca tcc aac aca tca	tgt tct atc aag	24529
Leu	Thr Arg Val Leu Leu	Ser Ser Asn Thr Ser	Cys Ser Ile Lys	
3190	3195	3200		
tat	aac aaa aca tcg gaa	aca tat gac agt gtg	ttt cga aac tct	24574
Tyr	Asn Lys Thr Ser Glu	Thr Tyr Asp Ser Val	Phe Arg Asn Ser	
3205	3210	3215		
tcc	acg agt tgt att cct	agc gaa gaa aac aaa	tcc cag gat atg	24619
Ser	Thr Ser Cys Ile Pro	Ser Glu Glu Asn Lys	Ser Gln Asp Met	
3220	3225	3230		
ttt	ttg gac ggt tgt cca	cga caa act gac aag	acg atc tgc ctg	24664
Phe	Leu Asp Gly Cys Pro	Arg Gln Thr Asp Lys	Thr Ile Cys Leu	
3235	3240	3245		
cgc	gac caa aac gta tgc	agt ctt acc tct aca	atg cca tcc cga	24709
Arg	Asp Gln Asn Val Cys	Ser Leu Thr Ser Thr	Met Pro Ser Arg	
3250	3255	3260		
gga	cat cct aac cat cga	tta tat cac aaa ttg	tgt gca agt ctt	24754

Gly	His	Pro	Asn	His	Arg	Leu	Tyr	His	Lys	Leu	Cys	Ala	Ser	Leu	
3265				3270				3275							
att	aga	tgg	atg	ggg	tat	gca	tac	gtc	gag	gcg	gtt	gac	att	gag	24799
Ile	Arg	Trp	Met	Gly	Tyr	Ala	Tyr	Val	Glu	Ala	Val	Asp	Ile	Glu	
3280				3285				3290							
gcg	gac	gag	gca	tgt	gca	aac	tta	ttt	cat	acg	cgt	aca	gtg	gct	24844
Ala	Asp	Glu	Ala	Cys	Ala	Asn	Leu	Phe	His	Thr	Arg	Thr	Val	Ala	
3295				3300				3305							
ttg	gtt	tat	acg	aca	gat	act	gat	tta	ctc	ttc	atg	ggc	tgt	gat	24889
Leu	Val	Tyr	Thr	Thr	Asp	Thr	Asp	Leu	Leu	Phe	Met	Gly	Cys	Asp	
3310				3315				3320							
att	ttg	tta	gat	gca	att	cct	atg	ttt	gct	cca	gta	gta	cga	tgt	24934
Ile	Leu	Leu	Asp	Ala	Ile	Pro	Met	Phe	Ala	Pro	Val	Val	Arg	Cys	
3325				3330				3335							
cgc	gat	ttg	ctt	caa	tat	tta	gga	att	aca	tac	cct	gaa	ttt	ttg	24979
Arg	Asp	Leu	Leu	Gln	Tyr	Leu	Gly	Ile	Thr	Tyr	Pro	Glu	Phe	Leu	
3340				3345				3350							
gtt	gcc	ttt	gtt	cgc	tgt	cag	acc	gat	ttg	cat	aca	agt	gac	aac	25024
Val	Ala	Phe	Val	Arg	Cys	Gln	Thr	Asp	Leu	His	Thr	Ser	Asp	Asn	
3355				3360				3365							
cta	aaa	tct	gtt	cag	caa	gtt	att	cag	gat	acc	ggc	ctg	aaa	gtt	25069
Leu	Lys	Ser	Val	Gln	Gln	Val	Ile	Gln	Asp	Thr	Gly	Leu	Lys	Val	
3370				3375				3380							
cca	cat	caa	atg	gac	act	tca	acg	cgc	tcc	ccc	act	tac	gac	tcg	25114
Pro	His	Gln	Met	Asp	Thr	Ser	Thr	Arg	Ser	Pro	Thr	Tyr	Asp	Ser	
3385				3390				3395							
tgg	aga	cat	ggc	gag	gtt	ttc	aaa	agt	ctt	acc	gta	gcc	acg	tcg	25159
Trp	Arg	His	Gly	Glu	Val	Phe	Lys	Ser	Leu	Thr	Val	Ala	Thr	Ser	
3400				3405				3410							
ggt	aaa	aca	gaa	aac	gga	gtg	tcc	gtt	tcc	aaa	tat	gca	tct	aac	25204
Gly	Lys	Thr	Glu	Asn	Gly	Val	Ser	Val	Ser	Lys	Tyr	Ala	Ser	Asn	
3415				3420				3425							
cga	tcg	gag	gtg	aca	gta	gac	gcc	agt	tgg	gct	tta	aac	ctt	ctg	25249
Arg	Ser	Glu	Val	Thr	Val	Asp	Ala	Ser	Trp	Ala	Leu	Asn	Leu	Leu	
3430				3435				3440							
cca	ccc	tca	tcc	tcc	cca	ttg	gat	aat	ttg	gaa	cgc	gca	ttt	gtt	25294
Pro	Pro	Ser	Ser	Ser	Pro	Leu	Asp	Asn	Leu	Glu	Arg	Ala	Phe	Val	
3445				3450				3455							

gaa	cat	ata	atc	gcc	gtg	gta	act	cca	ttg	acc	cgc	ggt	cgc	cta	25339
Glu	His	Ile	Ile	Ala	Val	Val	Thr	Pro	Leu	Thr	Arg	Gly	Arg	Leu	
3460						3465				3470					
aag	tta	atg	aaa	cgt	gta	aat	att	atg	caa	aat	acg	gca	gac	cca	25384
Lys	Leu	Met	Lys	Arg	Val	Asn	Ile	Met	Gln	Asn	Thr	Ala	Asp	Pro	
3475					3480					3485					
tat	atg	gtt	att	aac	acc	tta	tat	cat	aac	tta	aag	ggg	gaa	aaa	25429
Tyr	Met	Val	Ile	Asn	Thr	Leu	Tyr	His	Asn	Leu	Lys	Gly	Glu	Lys	
3490					3495					3500					
atg	gct	cgc	caa	tac	gca	cgt	att	ttt	aaa	cag	ttt	att	cct	act	25474
Met	Ala	Arg	Gln	Tyr	Ala	Arg	Ile	Phe	Lys	Gln	Phe	Ile	Pro	Thr	
3505					3510					3515					
cca	ctc	cca	cta	aac	act	gta	tta	aca	aaa	tat	tgg	aat	taa	25516	
Pro	Leu	Pro	Leu	Asn	Thr	Val	Leu	Thr	Lys	Tyr	Trp	Asn			
3520					3525					3530					
aacacacata	agagcgactt	aatggttcat	tgttttattt	tgctcgtata	tacatgttat	25576									
aaatcgutta	tcactgtgcc	cgcataagat	gtactgtgtc	tctcaaaaaaa	atttgtgttt	25636									
ttatctgcaa	tcataaatgc	aagtggaaag	tccgaatcgg	gaggtggggt	gttaaatagt	25696									
tttggtacat	taatcgctga	taaaaggctg	tccgcgtga	atttcacgta	ttgtgttaatt	25756									
gcatcgacgt	tcaccaaacg	ggttttgggt	gcatgggatt	ttaaaaacgc	acactcgatt	25816									
tcaacggctt	ccgaaaacag	ttgatgtatt	ctggtgatag	cgggttttc	gggtacatag	25876									
ttattgtata	tacaacacga	tgcgctggta	tgtatggctt	catctcgct	tataaggtcg	25936									
ttaaattgac	aagttacaac	aaatagtccg	ttattgcgt	aatatgcaat	agccgcgaac	25996									
gatgatacaa	aaaaaatgcc	ctctataaga	atcattagta	tatattttc	tgcaacggat	26056									
gggttgtccc	gtacctttc	ttccaaccat	tgtactttt	gttggatcga	cggttattta	26116									
atagtgacat	ttacgtattt	tacccgcaac	gattcatccc	ctctgaacaa	cattagttga	26176									
atttgactat	agacacgcgc	gtggacaacc	tcgatgcact	cttggtaat	gtagtaatgg	26236									
tgaatatcct	tttggaaaaa	gagttgggtt	agagagccca	aattaacatt	taccagatca	26296									
tctggcccg	ataaaaaatgt	aaaaataaaat	ctgtagaata	ttagttcatc	ttccgttaaa	26356									
cagtccaagt	attgataatc	atcttcaatg	ataaaaatcgc	tttctaacca	acgattcga	26416									

atgctcaggg cacgtaaatt gtttatatct ggacactccg gcctgtaaaa aaaatgactg 26476  
caatcttct gatccatttt ggaatagttt cccgtgtaaa tttataaagc acaactggta 26536  
caggtaatt cgcccccgc aaacagtccg ctgttcgttag ctttacgaat ttacagtag 26596  
tacatacccg ttttaaggcc ggcttatag gcacgtataa gcaaattcat tattttggag 26656  
gcgggaattg tcccgctgg gcgttcctca ataaataaag tcattgattg actttggta 26716  
ataaaatggcg cccttctgc acacatatca acgagatcct cttgctata ttcaaacgct 26776  
gttttatatt ttaagagtgg gtgactatta gataaacagc caaacgaacg tattactgac 26836  
cattggttt tctcaagtat gtttataact tccagtcgtt tttcttcaca tgaatacata 26896  
tctcttagtt cgtccataag gtctaagttg ggtctaagta actcacccga ggtggtgacc 26956  
ttactaaaca tattattata aattggagag aaaccctcac tgcaactccgt tacctgtgca 27016  
gatgaaactg tggcattaa cgctaagaac tgcgagttgt ataaccata agcgcaaata 27076  
tcatctcgca gggtacacca tggtaatct aaataactt tcgtagaaaa cccatcttgg 27136  
tgtaaccatc ccttagcata tttacttcg gtaaaaccct taaacgggc taagccgcca 27196  
atcttacaca tttccatgct tgtttcatt gtctcataca acattaactc cgctatttgt 27256  
acatttaacc gtctagctgg ttgggaagtt aatcaaatc ctaagcggag acaagttgt 27316  
tgtaaccctt gtatgccaat gccaaatgtat cggttggttt ttacacctt acatgattt 27376  
ttacatggaa agttcccagc cgccaggacc ccgtttaaaa aaataacagt cgttcttgct 27436  
gtcaattgaa ggtcgtaat attaaatgac actgggcctt tggataagca cggtgttaaga 27496  
tttatgctgg caagattaca tacgccatgt tcatgagcgt ctgcctttg aacaatttcc 27556  
gtacacaaat ttgacccgt gatagcattt ccttgggtat tcatatgata attacgatta 27616  
caggcatctt tgaacattaa aaagggcctt cctgttacag cagcactgctg tatgatttg 27676  
aatgcgatat cttgaatggg aacagaagaa acgcctaatc cttctctc taaacgtaaa 27736  
taggttgaag tgaatgcctc cccgtgtaat gttcgaagga tatcggctct gttatcaaaa 27796  
agagtccact gaacattact agccccttt agatagctt ggtatcttc aaaaaataaaa 27856  
tctgggtcc ataaacaaca aaatatgtta tcacatgaa atatttcatac acgaaccaac 27916

attccacgtg tggccaaaac agttttaga tcgacgtgcc atggttctat gtaaacacaa 27976  
actccagttg gtcgttcaca atcactgtta attgccataa ccatgcaatc taaaagttt 28036  
aaaactgcaa gaagacctt cgtttgattt tccgtaggta ttaaattcag actctgtaga 28096  
gaaattccca ctccacctcg actttgtaat accgttccca catgcctgt gatagctcga 28156  
acagctctcc caacagtgtat ggattccggg tccattaaat aacaactggc cggtgccccg 28216  
gtctctcgac ctaaaaacat cataaccggt gtagccggga caattttctg acatgccaac 28276  
gctgtgaaaa atacccgaca gacatcagtc catgtataac catcatttt tccgggaata 28336  
agagttgcga ttttaggcag gttagcatt tctgttgtca cggtggccgc cagtctaaa 28396  
aagaattggc aaagcgactc taatttacct tcctctaact tagttaaata aaagtctcg 28456  
tactttaaag cagactgttag tccaagggtt gctaaagcgg ggtattgatc tttcaaaaac 28516  
ggttctaata tagcccgacg aatttcgtcc ctccgccc tt caattgcttgc gcggactcgg 28576  
ggagttaaac agagaattgg ggaagtcaac cacgttcca tggaaacgga tcgttaggtt 28636  
atacggcaat ggataagttc tccacaacat cggtacactc gctcatcttgc tcgcgtcacc 28696  
gccttaagtt ttgagacgt agtgctaata tactccatta attccaccgg tgtggttgat 28756  
tcgggcccggaa tgatgtattc cttgttagcca tggatgtttt atcggtttt aatgtcatga 28816  
accgtattaa aaattctttt gaactccata acggataacg tatttaggct ccggaataaa 28876  
ccttaaacc ctaaactcac agctgagttt gttctacaat attgttagact cccttatata 28936  
tggttacgtt cagcctgccc ctcccccagttataatatacgcaaaaccc acgctatgtt 28996  
aaattcagtt tattttacat acatgcttta ataataacat tcgttccatg tatttgatcc 29056  
cccccacaca accccctcta accaaatagt tggcacgttta taacctccga accgttccat 29116  
gcgtcttgta taacgcacag actctgtatgg aattgttcca attaacgtat atgcccata 29176  
catgcaggat aattgtgtgg gaagtccccg aaaatcgccg gtccattgtt acaatcgctg 29236  
tctagccaaat tcccaatttta ctcctgtat ttcgccaata ctacatcgag ggcttgcgg 29296  
gtcattggat aactgcacaa gcggcaacgc ccttgtgttataatggctt gggatttgc 29356  
aacccttca gtccccccagg cggcatttc agctcgatg cgtcctaaca ggaagccaaat 29416

accacgacca aaacattgtt cgtttagttg gcttaatgca agatgcagtc ttacaccctc 29476  
 tcgttggcgt cgctgtgtat atacaaaaac caagaacaca tgcttcagtc cgtccgcgga 29536  
 aagatgtaaa tcTTTGTCAA CGTCCAAAAA tacgcaggcc gggatgttgg ctgtgaccct 29596  
 gcgagttgaa gTTTGTCTG tacgtgcagc ttCTTGGGGA CCTTGGCCA CGGCGGTTAT 29656  
 attgcataaa ttatcctgaa tggtatattc cagcagggac caaaaaaaaac ttataaatcg 29716  
 atgtggaaat acatgacatt gtaccatcgc acgtaaacac tccgaaaacc ttatgagccg 29776  
 cgtttccata cgactgcac tacaggcaga aacaattgct gttctgttgg catccgctgc 29836  
 ctgttatcc gtatattctt ctgcccggca tgcggcgatg aaacttaatg acgttacata 29896  
 tgctctaagc cccccacctt ctccaacggc ccaaggagcc gtgcaggcat tgaatagtt 29956  
 tcgtaaaccc tctagtagta catcggggtc acgtccagcc tgtgttaagt tattagcttc 30016  
 tccaatcatg tcagatggat gacgaaggat taagacgatt gacccagcat gctcaatgtc 30076  
 cggacgaaaa aaatcggtt atgacacttg ttggattagc tgtgtcggtt atttaaaatt 30136  
 atttaacggg agtctaattgg taacttgcgg gttaccaatt gaagttggat ttatttgaat 30196  
 gttgttcata cgattaataa caattgaacg gggggttact tgaatagacg cggtttctgt 30256  
 acgttttgtt ggtacatgta tcggttgtt gttcagacct ccaaagcgag ggccaattgt 30316  
 taaatcgca ctccaatttc cgaagaagcc cggagcataa gtcatatgaa gcccgttccc 30376  
 tatttgaata aaacggttat ttcctaaaag actgatatta gttccacata gcgtttgttc 30436  
 gtttaaagta aaatgcgagt tggttgttg actccccata gctgaggggt taaattcaca 30496  
 caatgcaatc gtgacgtggt actatctgaa atgttgcctg gggtatgtgt acacattata 30556  
 cagtcgtagt accgttata taatgttagg taggaggagc ctataaaaat attttgattg 30616  
 gcgttaaaag gttcttcaac ttaccgtgac gtcctttta ttaacatgct ttttattga 30676  
 tgttacattt atgttttgc attccggacg gatgttagctt tttcatatca cgttataaaag 30736  
 ttaagtcagc gtagaatata cc atg gaa gaa cca att tgt tat gat aca 30785  
 Met Glu Glu Pro Ile Cys Tyr Asp Thr  
 3535 3540  
 caa aaa ctt ttg gat gat tta agt aac ttg aaa gta caa gaa gcg 30830

Gln	Lys	Leu	Leu	Asp	Asp	Leu	Ser	Asn	Leu	Lys	Val	Gln	Glu	Ala	
3545									3550					3555	
gac	aac	gaa	aga	cca	tgg	tca	cca	gag	aaa	aca	gaa	atc	gcc	aga	30875
Asp	Asn	Glu	Arg	Pro	Trp	Ser	Pro	Glu	Lys	Thr	Glu	Ile	Ala	Arg	
3560									3565					3570	
gtt	aag	gta	gtt	aag	ttt	tta	cga	tct	acc	cag	aaa	att	cca	gct	30920
Val	Lys	Val	Val	Lys	Phe	Leu	Arg	Ser	Thr	Gln	Lys	Ile	Pro	Ala	
3575									3580					3585	
aaa	cat	ttt	att	cag	ata	tgg	gaa	ccc	ctg	cat	tct	aat	atc	tgt	30965
Lys	His	Phe	Ile	Gln	Ile	Trp	Glu	Pro	Leu	His	Ser	Asn	Ile	Cys	
3590									3595					3600	
ttt	gta	tat	tcc	aat	aca	ttt	ttg	gcg	gag	gct	gct	ttc	acg	gcc	31010
Phe	Val	Tyr	Ser	Asn	Thr	Phe	Leu	Ala	Glu	Ala	Ala	Phe	Thr	Ala	
3605									3610					3615	
gaa	aat	tta	ccc	gga	ctg	ttg	ttt	tgg	aga	cta	gat	cta	gac	tgg	31055
Glu	Asn	Leu	Pro	Gly	Leu	Leu	Phe	Trp	Arg	Leu	Asp	Leu	Asp	Trp	
3620									3625					3630	
acg	ata	gag	gag	cca	ggt	aat	agc	tta	aaa	att	tta	acc	cag	cta	31100
Thr	Ile	Glu	Glu	Pro	Gly	Asn	Ser	Leu	Lys	Ile	Leu	Thr	Gln	Leu	
3635									3640					3645	
tca	agt	gta	gta	caa	gat	tcc	gag	acg	tta	cat	cgt	tta	tcg	gcc	31145
Ser	Ser	Val	Val	Gln	Asp	Ser	Glu	Thr	Leu	His	Arg	Leu	Ser	Ala	
3650									3655					3660	
aat	aaa	tta	cga	acc	tcg	tct	aaa	ttt	gga	ccc	gtt	tcg	ata	cac	31190
Asn	Lys	Leu	Arg	Thr	Ser	Ser	Lys	Phe	Gly	Pro	Val	Ser	Ile	His	
3665									3670					3675	
ttc	att	ata	acg	gac	tgg	ata	aat	atg	tac	gag	gtc	gcc	tta	aag	31235
Phe	Ile	Ile	Thr	Asp	Trp	Ile	Asn	Met	Tyr	Glu	Val	Ala	Leu	Lys	
3680									3685					3690	
gat	gca	aca	aca	gcc	att	gaa	tca	cca	ttc	act	cac	gct	cgt	att	31280
Asp	Ala	Thr	Thr	Ala	Ile	Glu	Ser	Pro	Phe	Thr	His	Ala	Arg	Ile	
3695									3700					3705	
gga	atg	ttg	gaa	agc	gcc	att	gca	gct	tta	aca	caa	cat	aaa	ttt	31325
Gly	Met	Leu	Glu	Ser	Ala	Ile	Ala	Ala	Leu	Thr	Gln	His	Lys	Phe	
3710									3715					3720	
gcg	atc	att	tac	gat	atg	cca	ttt	gtt	caa	gag	ggg	att	cgt	gtt	31370
Ala	Ile	Ile	Tyr	Asp	Met	Pro	Phe	Val	Gln	Glu	Gly	Ile	Arg	Val	
3725									3730					3735	

tta aca caa tat	gca gga tgg ctt ctt	ccg ttt aat gtt atg	tgg	31415
Leu Thr Gln Tyr	Ala Gly Trp Leu Leu	Pro Phe Asn Val Met	Trp	
3740	3745	3750		
aat cag att caa	aat agc tca ctc act	cct cta aca cga gcc	ctt	31460
Asn Gln Ile Gln	Asn Ser Ser Leu Thr	Pro Leu Thr Arg Ala	Leu	
3755	3760	3765		
ttt ata atc tgt	atg att gat gaa tat	ctc acg gaa acg cca	gta	31505
Phe Ile Ile Cys	Met Ile Asp Glu Tyr	Leu Thr Glu Thr Pro	Val	
3770	3775	3780		
cat agc ata tca	gaa tta ttt gca gat	act gta aat tta att	aaa	31550
His Ser Ile Ser	Glu Leu Phe Ala Asp	Thr Val Asn Leu Ile	Lys	
3785	3790	3795		
gat gag gcg ttc	gta tcc atc gaa gaa	gcg gta acg aat cca	cga	31595
Asp Glu Ala Phe	Val Ser Ile Glu Glu	Ala Val Thr Asn Pro	Arg	
3800	3805	3810		
acg gtg cac gag	tca cga att tcc tca	gct ctg gct tat cga	gac	31640
Thr Val His Glu	Ser Arg Ile Ser Ser	Ala Leu Ala Tyr Arg	Asp	
3815	3820	3825		
cct tat gtt ttt	gag aca tcc ccg gga	atg ctt gct agg aga	ctt	31685
Pro Tyr Val Phe	Glu Thr Ser Pro Gly	Met Leu Ala Arg Arg	Leu	
3830	3835	3840		
aga tta gac aat	ggt ata tgg gaa agc	aac ctc tta tcg ttg	tcc	31730
Arg Leu Asp Asn	Gly Ile Trp Glu Ser	Asn Leu Leu Ser Leu	Ser	
3845	3850	3855		
acc ccc gga att	cat att gag gcg ctg	tta cat tta cta aac	tcc	31775
Thr Pro Gly Ile	His Ile Glu Ala Leu	Leu His Leu Leu Asn Ser		
3860	3865	3870		
gac ccg gaa gcg	gaa acc aca tct gga	agt aat gta gca gaa	cac	31820
Asp Pro Glu Ala	Glu Thr Thr Ser Gly	Ser Asn Val Ala Glu His		
3875	3880	3885		
acc cgt ggc att	tgg gaa aag gtt cag	gct agt aca tcg cct	agt	31865
Thr Arg Gly Ile	Trp Glu Lys Val Gln	Ala Ser Thr Ser Pro Ser		
3890	3895	3900		
atg tta ata agc	acc ctt gcc gaa tcc	ggg ttt aca aga ttt	tca	31910
Met Leu Ile Ser	Thr Leu Ala Glu Ser	Gly Phe Thr Arg Phe Ser		
3905	3910	3915		
tgc aaa ttg cta	cgt cgg ttt att gct	cac cac aca ctc gcc	ggt	31955

Cys	Lys	Leu	Leu	Arg	Arg	Phe	Ile	Ala	His	His	Thr	Leu	Ala	Gly	
3920				3925				3930							
ttt	att	cac	gga	agc	gtt	gta	gca	gac	gag	cat	att	aca	gat	ttc	32000
Phe	Ile	His	Gly	Ser	Val	Val	Ala	Asp	Glu	His	Ile	Thr	Asp	Phe	
3935				3940					3945						
caa	caa	aca	cta	gga	tgt	ctc	gct	tta	gtg	ggt	gga	ctg	gca	tac	32045
Gln	Gln	Thr	Leu	Gly	Cys	Leu	Ala	Leu	Val	Gly	Gly	Leu	Ala	Tyr	
3950				3955					3960						
caa	tta	gtg	gaa	acg	tac	gct	cct	act	acc	gag	tat	gtg	tta	aca	32090
Gln	Leu	Val	Glu	Thr	Tyr	Ala	Pro	Thr	Thr	Glu	Tyr	Val	Leu	Thr	
3965				3970					3975						
tat	aca	cg	aca	gta	aac	gag	acc	gaa	aaa	cg	tat	gaa	acg	cta	32135
Tyr	Thr	Arg	Thr	Val	Asn	Glu	Thr	Glu	Lys	Arg	Tyr	Glu	Thr	Leu	
3980				3985					3990						
tta	ccc	gcc	tta	gga	tta	cca	ccg	gga	ggc	ctg	gga	caa	att	atg	32180
Leu	Pro	Ala	Leu	Gly	Leu	Pro	Pro	Gly	Gly	Leu	Gly	Gln	Ile	Met	
3995				4000					4005						
cgg	cgc	tgt	ttt	gct	cca	cga	ccc	ctt	att	gaa	agt	ata	caa	gcg	32225
Arg	Arg	Cys	Phe	Ala	Pro	Arg	Pro	Leu	Ile	Glu	Ser	Ile	Gln	Ala	
4010				4015					4020						
aca	cgc	gta	ata	cta	ctt	aat	gaa	att	tca	cat	gca	gaa	gct	aga	32270
Thr	Arg	Val	Ile	Leu	Leu	Asn	Glu	Ile	Ser	His	Ala	Glu	Ala	Arg	
4025				4030					4035						
gag	aca	aca	tat	ttt	aag	caa	aca	cat	aat	caa	tcc	tca	ggt	gcg	32315
Glu	Thr	Thr	Tyr	Phe	Lys	Gln	Thr	His	Asn	Gln	Ser	Ser	Gly	Ala	
4040				4045					4050						
tta	tta	cca	caa	gca	gga	caa	agt	gcc	gta	cgc	gaa	gcc	gta	cta	32360
Leu	Leu	Pro	Gln	Ala	Gly	Gln	Ser	Ala	Val	Arg	Glu	Ala	Val	Leu	
4055				4060					4065						
acc	tgg	ttt	gac	cta	cgt	atg	gat	tca	aga	tgg	ggt	att	act	ccc	32405
Thr	Trp	Phe	Asp	Leu	Arg	Met	Asp	Ser	Arg	Trp	Gly	Ile	Thr	Pro	
4070				4075					4080						
ccg	gtg	gat	gtg	ggt	atg	aca	cct	cct	att	tgt	gtt	gat	cca	ccg	32450
Pro	Val	Asp	Val	Gly	Met	Thr	Pro	Pro	Ile	Cys	Val	Asp	Pro	Pro	
4085				4090					4095						
gct	aca	ggg	ttg	gaa	gct	gtc	atg	ata	aca	gaa	gca	cta	aag	att	32495
Ala	Thr	Gly	Leu	Glu	Ala	Val	Met	Ile	Thr	Glu	Ala	Leu	Lys	Ile	
4100				4105					4110						

gca tat cct acc	gaa tat aat cgc tct	agc gtg ttt gtg gaa	ccg	32540
Ala Tyr Pro Thr	Glu Tyr Asn Arg Ser	Ser Val Phe Val Glu	Pro	
4115	4120	4125		
tcg ttt gtg cct	tat att att gca aca	agc acg ctt gat gcc	ctt	32585
Ser Phe Val Pro	Tyr Ile Ile Ala Thr	Ser Thr Leu Asp Ala	Leu	
4130	4135	4140		
tcg gca aca ata	gct ttg tct ttt gat	aca cgg gga ata cag	caa	32630
Ser Ala Thr Ile	Ala Leu Ser Phe Asp	Thr Arg Gly Ile Gln	Gln	
4145	4150	4155		
gcc ttg tct att	ctt cag tgg gct cgc	gat tat gga tcc gga	acc	32675
Ala Leu Ser Ile	Leu Gln Trp Ala Arg	Asp Tyr Gly Ser Gly	Thr	
4160	4165	4170		
gtg ccc aat gca	gat gga tat cgc aca	aaa cta tct gct ctt ata		32720
Val Pro Asn Ala	Asp Gly Tyr Arg Thr	Lys Leu Ser Ala Leu	Ile	
4175	4180	4185		
aca ata tta gaa	cct ttt acc cgt aca	cac ccc cca gta ctt tta		32765
Thr Ile Leu Glu	Pro Phe Thr Arg Thr	His Pro Pro Val Leu	Leu	
4190	4195	4200		
cca tct cac gtt	tct act ata gat tcc	ctt ata tgc gaa ctt cat		32810
Pro Ser His Val	Ser Thr Ile Asp Ser	Leu Ile Cys Glu Leu His		
4205	4210	4215		
cgg act gtt ggc	att gcc gtt gac ctg	ctt ccc cag cac gtc cgt		32855
Arg Thr Val Gly	Ile Ala Val Asp Leu	Leu Pro Gln His Val Arg		
4220	4225	4230		
cct ttg gtt cct	gac cgt cct tct att	aca aat agc gtt ttt tta		32900
Pro Leu Val Pro	Asp Arg Pro Ser Ile	Thr Asn Ser Val Phe Leu		
4235	4240	4245		
gca act ctc tat	tat gat gaa ctt tac	ggt cgt tgg acc cga ctg		32945
Ala Thr Leu Tyr	Tyr Asp Glu Leu Tyr	Gly Arg Trp Thr Arg Leu		
4250	4255	4260		
gat aaa aca tcg	cag gcg ttg gtt gaa	aat ttt aca tcc aac gcg		32990
Asp Lys Thr Ser	Gln Ala Leu Val Glu	Asn Phe Thr Ser Asn Ala		
4265	4270	4275		
tta gtg gtt tct	cggt tac atg tta atg	tta caa aaa ttt ttt gcg		33035
Leu Val Val Ser	Arg Tyr Met Leu Met	Leu Gln Lys Phe Phe Ala		
4280	4285	4290		
tgt cgt ttt tat	cca acg cca gat ctt	cag gct gtt ggt atc tgt		33080

Cys	Arg	Phe	Tyr	Pro	Thr	Pro	Asp	Leu	Gln	Ala	Val	Gly	Ile	Cys	
4295								4300					4305		
aac	cca	aag	gtt	gaa	cgc	gat	gaa	caa	ttt	ggg	gta	tgg	cgt	tta	33125
Asn	Pro	Lys	Val	Glu	Arg	Asp	Glu	Gln	Phe	Gly	Val	Trp	Arg	Leu	
4310								4315					4320		
aac	gat	ctt	gct	gat	gcg	gtt	ggt	cat	att	gtt	ggg	aca	ata	caa	33170
Asn	Asp	Leu	Ala	Asp	Ala	Val	Gly	His	Ile	Val	Gly	Thr	Ile	Gln	
4325								4330					4335		
gga	atc	cga	acg	caa	atg	aga	gtg	gga	ata	tcc	agc	ctg	cgc	aca	33215
Gly	Ile	Arg	Thr	Gln	Met	Arg	Val	Gly	Ile	Ser	Ser	Leu	Arg	Thr	
4340								4345					4350		
att	atg	gcc	gat	gct	tcc	tca	gcc	ctt	agg	gaa	tgt	gaa	aat	tta	33260
Ile	Met	Ala	Asp	Ala	Ser	Ser	Ala	Leu	Arg	Glu	Cys	Glu	Asn	Leu	
4355								4360					4365		
atg	act	aaa	acc	tcc	act	tct	gct	att	ggg	cct	ctt	ttt	tca	acg	33305
Met	Thr	Lys	Thr	Ser	Thr	Ser	Ala	Ile	Gly	Pro	Leu	Phe	Ser	Thr	
4370								4375					4380		
atg	gct	tcc	cgg	tat	gca	cgg	ttt	aca	cag	gat	caa	atg	gac	att	33350
Met	Ala	Ser	Arg	Tyr	Ala	Arg	Phe	Thr	Gln	Asp	Gln	Met	Asp	Ile	
4385								4390					4395		
tta	atg	cgt	gtt	gac	aaa	cta	aca	aca	gga	gaa	aat	ata	ccc	ggt	33395
Leu	Met	Arg	Val	Asp	Lys	Leu	Thr	Thr	Gly	Glu	Asn	Ile	Pro	Gly	
4400								4405					4410		
ctt	gca	aat	gta	gag	att	ttt	tta	aat	agg	tgg	gaa	cga	ata	gca	33440
Leu	Ala	Asn	Val	Glu	Ile	Phe	Leu	Asn	Arg	Trp	Glu	Arg	Ile	Ala	
4415								4420					4425		
aca	gct	tgt	agg	cat	gcc	acg	gca	gtc	ccg	tcg	gcc	gaa	tct	att	33485
Thr	Ala	Cys	Arg	His	Ala	Thr	Ala	Val	Pro	Ser	Ala	Glu	Ser	Ile	
4430								4435					4440		
gca	acc	gtg	tgt	aat	gaa	ttg	agg	cgc	ggt	tta	aaa	aat	ata	caa	33530
Ala	Thr	Val	Cys	Asn	Glu	Leu	Arg	Arg	Gly	Leu	Lys	Asn	Ile	Gln	
4445								4450					4455		
gag	gat	cgt	gta	aat	gcc	cca	acc	tca	tat	atg	agt	cac	gcc	cga	33575
Glu	Asp	Arg	Val	Asn	Ala	Pro	Thr	Ser	Tyr	Met	Ser	His	Ala	Arg	
4460								4465					4470		
aat	ctg	gaa	gat	cac	aag	gca	gca	gtt	tca	ttc	gtt	atg	gac	tcc	33620
Asn	Leu	Glu	Asp	His	Lys	Ala	Ala	Val	Ser	Phe	Val	Met	Asp	Ser	
4475								4480					4485		

agg caa cag ttt att gtg gat tct gga cct cag atg ggc gcg gtt		33665
Arg Gln Gln Phe Ile Val Asp Ser Gly Pro Gln Met Gly Ala Val		
4490 4495 4500		
tta act tca caa tgt aat ata gga aca tgg gag aat gta aat gca		33710
Leu Thr Ser Gln Cys Asn Ile Gly Thr Trp Glu Asn Val Asn Ala		
4505 4510 4515		
acg ttt tta cat gat aat gtt aaa ata acg aca acg gtc aga gac		33755
Thr Phe Leu His Asp Asn Val Lys Ile Thr Thr Thr Val Arg Asp		
4520 4525 4530		
gta att tca gag gct ccg acg ctg ata ata gga caa aga tgg ctt		33800
Val Ile Ser Glu Ala Pro Thr Leu Ile Ile Gly Gln Arg Trp Leu		
4535 4540 4545		
cgt cca gat gag att tta tct aat gta gat ttg cgt ctt ggc gta		33845
Arg Pro Asp Glu Ile Leu Ser Asn Val Asp Leu Arg Leu Gly Val		
4550 4555 4560		
ccc ggg aat aca agt ggg agt gac cct taa tataaaaacag gcgtgttat		33895
Pro Gly Asn Thr Ser Gly Ser Asp Pro		
4565 4570		
gtacattaaa gtatttgtgg ttttattga ctggcggtt cgtttgtata acgctgttgt		33955
tgctagtatt ttcataacct cctagggttt tggagctaca cgtgcttatt caacgctctt		34015
tgggatttga atcatcgtaa acgtacgtc cctaccaggta gagcgcgtaa tttcgtaag		34075
caataaaa atg gat ata att ccg cct ata gct gtc act gtt gcg gga gtg		34124
Met Asp Ile Ile Pro Pro Ile Ala Val Thr Val Ala Gly Val		
4575 4580		
gga agc cgt aat caa ttt gac ggt gcc ctg gga ccg gcg tca ggt		34169
Gly Ser Arg Asn Gln Phe Asp Gly Ala Leu Gly Pro Ala Ser Gly		
4585 4590 4595		
ctg tca tgt tta aga aca tct tta tcg ttt ttg cat atg aca tat		34214
Leu Ser Cys Leu Arg Thr Ser Leu Ser Phe Leu His Met Thr Tyr		
4600 4605 4610		
gcg cat gga att aat gca acc ctg tca tca gac atg att gat gga		34259
Ala His Gly Ile Asn Ala Thr Leu Ser Ser Asp Met Ile Asp Gly		
4615 4620 4625		
tgt tta caa gag ggt gca gca tgg act acg gat ctg tct aat atg		34304
Cys Leu Gln Glu Gly Ala Ala Trp Thr Thr Asp Leu Ser Asn Met		
4630 4635 4640		

ggg	agg ggt gtc cca gat	atg tgt gct ctt gtt	gat ctc ccc aat	34349
Gly	Arg Gly Val Pro Asp	Met Cys Ala Leu Val	Asp Leu Pro Asn	
4645	4650	4655		
cga	att tca tat att aaa	ctg ggg gac act acc	agt acg tgc tgc	34394
Arg	Ile Ser Tyr Ile Lys	Leu Gly Asp Thr Thr	Ser Thr Cys Cys	
4660	4665	4670		
gtt	ttg tct aga ata tac	ggc gat agc cat ttt	ttt acc gtt cca	34439
Val	Leu Ser Arg Ile Tyr	Gly Asp Ser His Phe	Phe Thr Val Pro	
4675	4680	4685		
gac	gag ggt ttt atg tgc	aca caa att ccc gct	aga gcg ttt ttc	34484
Asp	Glu Gly Phe Met Cys	Thr Gln Ile Pro Ala	Arg Ala Phe Phe	
4690	4695	4700		
gat	gat gtg tgg atg gga	cgt gaa gag tcg tat	aca att ata act	34529
Asp	Asp Val Trp Met Gly	Arg Glu Glu Ser Tyr	Thr Ile Ile Thr	
4705	4710	4715		
gta	gac tca acg gga atg	gcc atc tat cgt cag	gga aac ata tct	34574
Val	Asp Ser Thr Gly Met	Ala Ile Tyr Arg Gln	Gly Asn Ile Ser	
4720	4725	4730		
ttt	att ttt gat cca cat	ggc cat ggg act ata	gga cag gct gta	34619
Phe	Ile Phe Asp Pro His	Gly His Gly Thr Ile	Gly Gln Ala Val	
4735	4740	4745		
gtt	gtt cggtg aat acc	acg gat gtg tac tct	tat atc gca tcg	34664
Val	Val Arg Val Asn Thr	Thr Asp Val Tyr Ser	Tyr Ile Ala Ser	
4750	4755	4760		
gag	tat acc cac cgc ccc	gat aac gta gaa tcc	caa tgg gcc gct	34709
Glu	Tyr Thr His Arg Pro	Asp Asn Val Glu Ser	Gln Trp Ala Ala	
4765	4770	4775		
gca	tta gtt ttt ttt gtc	acc gca aac gac ggt	ccc gta agc gaa	34754
Ala	Leu Val Phe Phe Val	Thr Ala Asn Asp Gly	Pro Val Ser Glu	
4780	4785	4790		
gaa	gcg cta tct tcg gca	gta acg ctt ata tac	gga agc tgt gat	34799
Glu	Ala Leu Ser Ser Ala	Val Thr Leu Ile Tyr	Gly Ser Cys Asp	
4795	4800	4805		
aca	tat ttt aca gat gaa	caa tat tgc gaa aaa	ctg gtt aca gct	34844
Thr	Tyr Phe Thr Asp Glu	Gln Tyr Cys Glu Lys	Leu Val Thr Ala	
4810	4815	4820		
caa	cat ccg ttg ctt ctt	tca cct cct aat tcc	acg aca att gtg	34889

Gln	His	Pro	Leu	Leu	Leu	Ser	Pro	Pro	Asn	Ser	Thr	Thr	Ile	Val	
4825					4830					4835					
ctt	aat	aaa	tcg	tct	ata	gta	cct	ctt	cac	caa	aac	gtt	ggt	gaa	34934
Leu	Asn	Lys	Ser	Ser	Ile	Val	Pro	Leu	His	Gln	Asn	Val	Gly	Glu	
4840					4845					4850					
agt	gta	tcc	ttg	gaa	gca	acc	cta	cat	tca	acg	tta	acc	aac	acg	34979
Ser	Val	Ser	Leu	Glu	Ala	Thr	Leu	His	Ser	Thr	Leu	Thr	Asn	Thr	
4855					4860					4865					
gtt	gca	ctg	gac	cct	aga	tgt	agt	tac	agc	gag	gtt	gat	cct	tgg	35024
Val	Ala	Leu	Asp	Pro	Arg	Cys	Ser	Tyr	Ser	Glu	Val	Asp	Pro	Trp	
4870					4875					4880					
cat	gcg	gtt	cta	gaa	aca	acc	tcg	act	ggg	tct	ggc	gtt	ttg	gat	35069
His	Ala	Val	Leu	Glu	Thr	Thr	Ser	Thr	Gly	Ser	Gly	Val	Leu	Asp	
4885					4890					4895					
tgt	cgt	cgt	aga	cgc	cgt	cct	tca	tgg	act	cct	cct	tca	agc	gag	35114
Cys	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg	Pro	Ser	Trp	Thr	Pro	Pro	Ser	Ser	Glu	
4900					4905					4910					
gaa	aat	tta	gct	tgt	atc	gac	gat	ggc	ttg	gta	aat	aat	aca	cat	35159
Glu	Asn	Leu	Ala	Cys	Ile	Asp	Asp	Gly	Leu	Val	Asn	Asn	Thr	His	
4915					4920					4925					
tcc	acg	gat	aat	tta	cat	aaa	ccc	gct	aaa	aag	gtt	ctc	aaa	ttt	35204
Ser	Thr	Asp	Asn	Leu	His	Lys	Pro	Ala	Lys	Lys	Val	Leu	Lys	Phe	
4930					4935					4940					
aaa	cca	act	gta	gac	gtg	ccg	gat	aaa	aca	caa	gtg	gca	cat	gta	35249
Lys	Pro	Thr	Val	Asp	Val	Pro	Asp	Lys	Thr	Gln	Val	Ala	His	Val	
4945					4950					4955					
tta	ccc	cgc	cta	cga	gaa	gtt	gct	aac	acc	cca	gac	gtt	gtg	tta	35294
Leu	Pro	Arg	Leu	Arg	Glu	Val	Ala	Asn	Thr	Pro	Asp	Val	Val	Leu	
4960					4965					4970					
aat	gta	tcc	aat	gta	gat	acg	cct	gaa	tcc	agt	ccc	act	ttt	tca	35339
Asn	Val	Ser	Asn	Val	Asp	Thr	Pro	Glu	Ser	Ser	Pro	Thr	Phe	Ser	
4975					4980					4985					
cgg	aac	atg	aat	gta	gga	agc	agt	ttg	aaa	gat	cgg	aag	cca	ttt	35384
Arg	Asn	Met	Asn	Val	Gly	Ser	Ser	Leu	Lys	Asp	Arg	Lys	Pro	Phe	
4990					4995					5000					
cta	ttt	gaa	cag	agt	ggt	gat	gtc	aac	atg	gtt	gtc	gaa	aaa	cta	35429
Leu	Phe	Glu	Gln	Ser	Gly	Asp	Val	Asn	Met	Val	Val	Glu	Lys	Leu	
5005					5010					5015					

cta	caa	cat	ggg	cat	gaa	att	agc	aat	gga	tac	gta	caa	aat	gcg	35474
Leu	Gln	His	Gly	His	Glu	Ile	Ser	Asn	Gly	Tyr	Val	Gln	Asn	Ala	
5020					5025						5030				
gtg	ggt	acg	ttg	gat	act	gtt	att	acc	ggt	cat	aca	aat	gtt	ccc	35519
Val	Gly	Thr	Leu	Asp	Thr	Val	Ile	Thr	Gly	His	Thr	Asn	Val	Pro	
5035					5040						5045				
att	tgg	gta	aca	agg	ccc	ttg	gtt	atg	cca	gac	gaa	aag	gat	cca	35564
Ile	Trp	Val	Thr	Arg	Pro	Leu	Val	Met	Pro	Asp	Glu	Lys	Asp	Pro	
5050					5055						5060				
ttg	gag	ctt	ttt	att	aac	ctc	acc	att	ttg	cgt	tta	acg	gga	ttt	35609
Leu	Glu	Leu	Phe	Ile	Asn	Leu	Thr	Ile	Leu	Arg	Leu	Thr	Gly	Phe	
5065					5070						5075				
gtg	gtg	gaa	aat	gga	aca	cgt	aca	cat	cat	ggt	gct	aca	agc	gtt	35654
Val	Val	Glu	Asn	Gly	Thr	Arg	Thr	His	His	Gly	Ala	Thr	Ser	Val	
5080					5085						5090				
gta	tca	gac	ttt	ata	ggt	ccc	ctt	ggg	gaa	att	tta	aca	gga	ttt	35699
Val	Ser	Asp	Phe	Ile	Gly	Pro	Leu	Gly	Glu	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	
5095					5100						5105				
ccc	tcc	gcc	gcf	gaa	ctt	ata	cgc	gtt	aca	agt	ttg	ata	tta	aca	35744
Pro	Ser	Ala	Ala	Glu	Leu	Ile	Arg	Val	Thr	Ser	Leu	Ile	Leu	Thr	
5110					5115						5120				
aac	atg	ccg	ggg	gcf	gaa	tat	gct	att	aaa	act	ttt	ggt	cta	gtt	35789
Asn	Met	Pro	Gly	Ala	Glu	Tyr	Ala	Ile	Lys	Thr	Val	Leu	Arg	Lys	
5125					5130						5135				
aaa	tgt	aca	att	ggc	atg	ctc	att	atc	gct	aag	ttt	ggt	cta	gtt	35834
Lys	Cys	Thr	Ile	Gly	Met	Leu	Ile	Ile	Ala	Lys	Phe	Gly	Leu	Val	
5140					5145						5150				
gcc	atg	cgf	gtt	cag	gat	aca	acc	ggc	gct	tta	cat	gcc	gaa	cta	35879
Ala	Met	Arg	Val	Gln	Asp	Thr	Thr	Gly	Ala	Leu	His	Ala	Glu	Leu	
5155					5160						5165				
gat	gtg	tta	gaa	gcf	gat	cta	gga	ggt	tcg	tcg	ccc	ata	gac	ctc	35924
Asp	Val	Leu	Glu	Ala	Asp	Leu	Gly	Gly	Ser	Ser	Pro	Ile	Asp	Leu	
5170					5175						5180				
tat	tct	aga	ctg	tcg	aca	ggt	ctt	ata	agt	ata	cta	aat	tcg	cct	35969
Tyr	Ser	Arg	Leu	Ser	Thr	Gly	Leu	Ile	Ser	Ile	Leu	Asn	Ser	Pro	
5185					5190						5195				
att	att	tct	cat	ccc	gga	ctt	ttt	gcc	gag	ctt	att	cca	acc	cgt	36014

Ile	Ile	Ser	His	Pro	Gly	Leu	Phe	Ala	Glu	Leu	Ile	Pro	Thr	Arg	
5200					5205				5210						
aca	ggg	tcc	ctg	tct	gaa	cga	ata	cgt	ctt	ctt	tgt	gaa	tta	gtc	36059
Thr	Gly	Ser	Leu	Ser	Glu	Arg	Ile	Arg	Leu	Leu	Cys	Glu	Leu	Val	
5215					5220				5225						
tcg	gcc	cgg	gag	aca	cgc	tat	atg	cgt	gaa	cac	acc	gcg	ctt	gtt	36104
Ser	Ala	Arg	Glu	Thr	Arg	Tyr	Met	Arg	Glu	His	Thr	Ala	Leu	Val	
5230					5235				5240						
tct	agt	gta	aag	gct	tta	gag	aat	gca	tta	cg	tct	acc	cgc	aat	36149
Ser	Ser	Val	Lys	Ala	Leu	Glu	Asn	Ala	Leu	Arg	Ser	Thr	Arg	Asn	
5245					5250				5255						
aaa	att	gat	gcc	att	caa	ata	cca	gaa	gtt	ccc	cag	gaa	ccc	ccg	36194
Lys	Ile	Asp	Ala	Ile	Gln	Ile	Pro	Glu	Val	Pro	Gln	Glu	Pro	Pro	
5260					5265				5270						
gaa	gaa	acc	gac	att	cca	ccc	gaa	gag	tta	att	cg	cgt	gta	tat	36239
Glu	Glu	Thr	Asp	Ile	Pro	Pro	Glu	Glu	Leu	Ile	Arg	Arg	Val	Tyr	
5275					5280				5285						
gag	ata	cga	tcc	gaa	gtt	aca	atg	cta	ttg	acc	tcg	gct	gtt	aca	36284
Glu	Ile	Arg	Ser	Glu	Val	Thr	Met	Leu	Leu	Thr	Ser	Ala	Val	Thr	
5290					5295				5300						
gaa	tac	ttc	acc	cgc	gga	gtg	tta	tat	agc	aca	cg	gcc	ttg	atc	36329
Glu	Tyr	Phe	Thr	Arg	Gly	Val	Leu	Tyr	Ser	Thr	Arg	Ala	Leu	Ile	
5305					5310				5315						
gct	gaa	caa	tcc	cct	agg	cgt	ttt	cg	gtc	g	acc	gca	agt	acg	36374
Ala	Glu	Gln	Ser	Pro	Arg	Arg	Phe	Arg	Val	Ala	Thr	Ala	Ser	Thr	
5320					5325				5330						
gca	ccc	att	caa	cg	tt	tta	gat	tct	ctt	cg	gaa	ttc	gac	gt	36419
Ala	Pro	Ile	Gln	Arg	Leu	Leu	Asp	Ser	Leu	Pro	Glu	Phe	Asp	Ala	
5335					5340				5345						
aaa	tta	acg	gca	atc	ata	tcg	tcc	ctg	tct	ata	cac	cct	cct	cct	36464
Lys	Leu	Thr	Ala	Ile	Ile	Ser	Ser	Leu	Ser	Ile	His	Pro	Pro	Pro	
5350					5355				5360						
gag	act	ata	caa	aat	ctc	ccc	gtc	gta	tct	ctg	tta	aaa	gag	ctt	36509
Glu	Thr	Ile	Gln	Asn	Leu	Pro	Val	Val	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Leu	
5365					5370				5375						
att	aaa	gaa	ggg	gaa	gt	tta	aac	aca	gac	acg	gct	ctc	gta	tcg	36554
Ile	Lys	Glu	Gly	Glu	Asp	Leu	Asn	Thr	Asp	Thr	Ala	Leu	Val	Ser	
5380					5385				5390						

tgg	tta	tct	gta	gtc	ggg	gaa	gct	caa	acc	gca	ggt	tac	tta	tcc	36599
Trp	Leu	Ser	Val	Val	Gly	Glu	Ala	Gln	Thr	Ala	Gly	Tyr	Leu	Ser	
5395					5400					5405					
aga	cga	gag	tgc	gat	gaa	tta	tca	cgt	aca	att	aaa	acc	att	aat	36644
Arg	Arg	Glu	Phe	Asp	Glu	Leu	Ser	Arg	Thr	Ile	Lys	Thr	Ile	Asn	
5410					5415					5420					
aca	cgc	gca	acg	caa	cgg	gct	tcc	gcg	gaa	gca	gag	ttg	tct	tgc	36689
Thr	Arg	Ala	Thr	Gln	Arg	Ala	Ser	Ala	Glu	Ala	Glu	Leu	Ser	Cys	
5425					5430					5435					
ttt	aat	acg	cta	agc	gcg	gcc	gta	gac	caa	gcc	gta	aag	gac	tat	36734
Phe	Asn	Thr	Leu	Ser	Ala	Ala	Val	Asp	Gln	Ala	Val	Lys	Asp	Tyr	
5440					5445					5450					
gaa	aca	tat	aac	aat	ggt	gag	gtc	aag	tat	cct	gaa	ata	aca	cgg	36779
Glu	Thr	Tyr	Asn	Asn	Gly	Glu	Val	Lys	Tyr	Pro	Glu	Ile	Thr	Arg	
5455					5460					5465					
gat	gat	tta	tta	gca	aca	att	gta	cgt	gct	aca	gac	gat	ttg	gtg	36824
Asp	Asp	Leu	Leu	Ala	Thr	Ile	Val	Arg	Ala	Thr	Asp	Asp	Leu	Val	
5470					5475					5480					
cga	cag	ata	aaa	att	tta	agt	gat	cca	atg	atc	caa	tcc	ggt	tta	36869
Arg	Gln	Ile	Lys	Ile	Leu	Ser	Asp	Pro	Met	Ile	Gln	Ser	Gly	Leu	
5485					5490					5495					
caa	cct	tcg	att	aaa	aga	cga	ttg	gaa	aca	agg	ctt	aaa	gag	gtt	36914
Gln	Pro	Ser	Ile	Lys	Arg	Arg	Leu	Glu	Thr	Arg	Leu	Lys	Glu	Val	
5500					5505					5510					
cag	acg	tat	gca	aac	gag	gcc	cga	acc	aca	cag	gac	aca	ata	aag	36959
Gln	Thr	Tyr	Ala	Asn	Glu	Ala	Arg	Thr	Thr	Gln	Asp	Thr	Ile	Lys	
5515					5520					5525					
agt	cga	aaa	cag	gct	gca	tat	aat	aaa	ctc	ggg	ggg	tta	ctt	cg	37004
Ser	Arg	Lys	Gln	Ala	Ala	Tyr	Asn	Lys	Leu	Gly	Gly	Leu	Leu	Arg	
5530					5535					5540					
ccg	gta	acc	ggt	ttt	gtg	gga	ctt	agg	gct	gca	gta	gat	tta	tta	37049
Pro	Val	Thr	Gly	Phe	Val	Gly	Leu	Arg	Ala	Ala	Val	Asp	Leu	Leu	
5545					5550					5555					
ccg	gaa	ctt	gct	tct	gag	tta	gat	gtc	caa	gga	gcc	ctg	gta	aat	37094
Pro	Glu	Leu	Ala	Ser	Glu	Leu	Asp	Val	Gln	Gly	Ala	Leu	Val	Asn	
5560					5565					5570					
ctc	agg	acc	aaa	gtc	tta	gag	gct	ccg	gtc	gag	atc	cgt	tct	caa	37139

Leu	Arg	Thr	Lys	Val	Leu	Glu	Ala	Pro	Val	Glu	Ile	Arg	Ser	Gln	
5575					5580					5585					
ctt	acg	ggt	gat	ttc	tgg	gcg	tta	ttt	aac	caa	tat	cga	gac	att	37184
Leu	Thr	Gly	Asp	Phe	Trp	Ala	Leu	Phe	Asn	Gln	Tyr	Arg	Asp	Ile	
5590					5595					5600					
tta	gaa	cat	ccc	gga	aac	gca	cgc	aca	tct	gtc	tta	gga	gga	ctg	37229
Leu	Glu	His	Pro	Gly	Asn	Ala	Arg	Thr	Ser	Val	Leu	Gly	Gly	Leu	
5605					5610					5615					
gga	gct	tgt	ttt	aca	gct	att	atc	gaa	att	gtg	ccg	ata	cct	acg	37274
Gly	Ala	Cys	Phe	Thr	Ala	Ile	Ile	Glu	Ile	Val	Pro	Ile	Pro	Thr	
5620					5625					5630					
gag	tat	aga	cca	tca	ttg	ctt	gcg	ttt	ttt	ggt	gac	gtg	gca	gat	37319
Glu	Tyr	Arg	Pro	Ser	Leu	Leu	Ala	Phe	Phe	Gly	Asp	Val	Ala	Asp	
5635					5640					5645					
gtg	ctt	gca	tcc	gac	atc	gcg	acc	gta	tct	act	aac	ccg	gaa	agt	37364
Val	Leu	Ala	Ser	Asp	Ile	Ala	Thr	Val	Ser	Thr	Asn	Pro	Glu	Ser	
5650					5655					5660					
gag	tcc	gcc	ata	aac	gct	gtt	gtt	gca	act	ctt	agt	aaa	gcg	acg	37409
Glu	Ser	Ala	Ile	Asn	Ala	Val	Val	Ala	Thr	Leu	Ser	Lys	Ala	Thr	
5665					5670					5675					
tta	gtt	tca	tct	aca	gtg	cca	gcc	tta	tcc	ttt	gtg	ttg	tcg	tta	37454
Leu	Val	Ser	Ser	Thr	Val	Pro	Ala	Leu	Ser	Phe	Val	Leu	Ser	Leu	
5680					5685					5690					
tat	aaa	aaa	tat	cag	gct	tta	caa	caa	gaa	att	acg	aat	acc	cat	37499
Tyr	Lys	Lys	Tyr	Gln	Ala	Leu	Gln	Gln	Glu	Ile	Thr	Asn	Thr	His	
5695					5700					5705					
aag	ttg	act	gaa	tta	caa	aaa	caa	ctt	gga	gat	gac	ttc	tcc	acc	37544
Lys	Leu	Thr	Glu	Leu	Gln	Lys	Gln	Leu	Gly	Asp	Asp	Phe	Ser	Thr	
5710					5715					5720					
cta	gct	gtc	tca	tct	gga	cac	ttg	aag	ttt	ata	tca	tct	tca	aat	37589
Leu	Ala	Val	Ser	Ser	Gly	His	Leu	Lys	Phe	Ile	Ser	Ser	Ser	Asn	
5725					5730					5735					
gta	gat	gat	tat	gaa	ata	aac	gat	gcg	ata	tta	tca	ata	caa	aca	37634
Val	Asp	Asp	Tyr	Glu	Ile	Asn	Asp	Ala	Ile	Leu	Ser	Ile	Gln	Thr	
5740					5745					5750					
aat	gtg	cac	gcc	cta	atg	gat	acg	gtt	aaa	ctt	gtt	gaa	gtt	gaa	37679
Asn	Val	His	Ala	Leu	Met	Asp	Thr	Val	Lys	Leu	Val	Glu	Val	Glu	
5755					5760					5765					

ctg	caa	aag	cta	ccc	ccc	cat	tgt	att	gct	ggg	aca	tct	acc	tta	37724	
Leu	Gln	Lys	Leu	Pro	Pro	His	Cys	Ile	Ala	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu		
5770				5775					5780							
tct	cga	gta	gta	aag	gat	ctt	cat	aaa	ctc	gtc	aca	atg	gca	cat	37769	
Ser	Arg	Val	Val	Lys	Asp	Leu	His	Lys	Leu	Val	Thr	Met	Ala	His		
5785				5790					5795							
gag	aag	aag	gaa	cag	gca	aaa	gtg	tta	att	acc	gat	tgt	gaa	cgt	37814	
Glu	Lys	Lys	Glu	Gln	Ala	Lys	Val	Leu	Ile	Thr	Asp	Cys	Glu	Arg		
5800				5805					5810							
gca	cat	aaa	caa	caa	acg	act	cg	gtt	ttg	tat	gag	cgt	tgg	aca	37859	
Ala	His	Lys	Gln	Gln	Thr	Thr	Arg	Val	Leu	Tyr	Glu	Arg	Trp	Thr		
5815				5820					5825							
cgt	gat	att	ata	gca	tgt	ctg	gag	gca	atg	gaa	acg	cgc	cat	ata	37904	
Arg	Asp	Ile	Ile	Ala	Cys	Leu	Glu	Ala	Met	Glu	Thr	Arg	His	Ile		
5830				5835					5840							
ttt	aac	ggg	aca	gaa	ctg	gca	cg	ttg	cga	gat	atg	gcc	gct	g	37949	
Phe	Asn	Gly	Thr	Glu	Leu	Ala	Arg	Leu	Arg	Asp	Met	Ala	Ala	Ala		
5845				5850					5855							
gga	ggg	ttt	gat	ata	cac	gca	gtt	tac	cca	caa	gca	cgt	cag	gtt	37994	
Gly	Gly	Phe	Asp	Ile	His	Ala	Val	Tyr	Pro	Gln	Ala	Arg	Gln	Val		
5860				5865					5870							
gta	g	cg	gca	tgt	gaa	act	aca	gcc	gtt	acg	gca	tta	gat	act	gtg	38039
Val	Ala	Ala	Cys	Glu	Thr	Thr	Ala	Val	Thr	Ala	Leu	Asp	Thr	Val		
5875				5880					5885							
ttt	cgc	cac	aat	cca	tat	acc	ccc	gaa	aat	aca	aat	att	cca	cca	38084	
Phe	Arg	His	Asn	Pro	Tyr	Thr	Pro	Glu	Asn	Thr	Asn	Ile	Pro	Pro		
5890				5895					5900							
cct	ttg	gct	ttg	tta	aga	ggg	tta	aca	tgg	ttt	gat	gat	ttt	tcg	38129	
Pro	Leu	Ala	Leu	Leu	Arg	Gly	Leu	Thr	Trp	Phe	Asp	Asp	Phe	Ser		
5905				5910					5915							
att	acg	gct	ccc	gta	ttc	acc	gtt	atg	ttt	cca	ggt	gtt	agt	att	38174	
Ile	Thr	Ala	Pro	Val	Phe	Thr	Val	Met	Phe	Pro	Gly	Val	Ser	Ile		
5920				5925					5930							
gag	gga	ctc	ctt	ctg	ctt	atg	cgt	att	cgc	g	tt	gt	tta	tta	38219	
Glu	Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Met	Arg	Ile	Arg	Ala	Val	Val	Leu	Leu		
5935				5940					5945							
tcc	gcc	gat	acg	tct	att	aat	gga	ata	cct	aac	tac	cga	gat	atg	38264	

Ser	Ala	Asp	Thr	Ser	Ile	Asn	Gly	Ile	Pro	Asn	Tyr	Arg	Asp	Met	
5950					5955					5960					
ata	tta	cga	acc	tcg	ggg	gat	cta	tta	caa	ata	ccc	gca	ttg	gct	38309
Ile	Leu	Arg	Thr	Ser	Gly	Asp	Leu	Leu	Gln	Ile	Pro	Ala	Leu	Ala	
5965					5970					5975					
ggg	tat	gtt	gat	ttt	tac	aca	cgg	tct	tat	gat	cag	ttt	ata	acc	38354
Gly	Tyr	Val	Asp	Phe	Tyr	Thr	Arg	Ser	Tyr	Asp	Gln	Phe	Ile	Thr	
5980					5985					5990					
gaa	agt	gta	acg	tta	agt	gaa	ctt	aga	gca	gac	atc	aga	cag	gct	38399
Glu	Ser	Val	Thr	Leu	Ser	Glu	Leu	Arg	Ala	Asp	Ile	Arg	Gln	Ala	
5995					6000					6005					
gcc	ggg	gct	aaa	ctt	aca	gaa	gca	aat	aag	gct	ttg	gag	gaa	gta	38444
Ala	Gly	Ala	Lys	Leu	Thr	Glu	Ala	Asn	Lys	Ala	Leu	Glu	Glu	Val	
6010					6015					6020					
act	cat	gtt	cgg	gca	cac	gaa	acg	gct	aaa	ctt	gca	ctt	aaa	gaa	38489
Thr	His	Val	Arg	Ala	His	Glu	Thr	Ala	Lys	Leu	Ala	Leu	Lys	Glut	
6025					6030					6035					
ggt	gtc	ttc	att	aca	tta	cca	agc	gaa	ggt	tta	ttg	att	cgg	gct	38534
Gly	Val	Phe	Ile	Thr	Leu	Pro	Ser	Glu	Gly	Leu	Leu	Ile	Arg	Ala	
6040					6045					6050					
ata	gag	tat	ttt	aca	act	ttc	gat	cat	aaa	cga	ttt	ata	gga	acg	38579
Ile	Glu	Tyr	Phe	Thr	Thr	Phe	Asp	His	Lys	Arg	Phe	Ile	Gly	Thr	
6055					6060					6065					
gca	tat	gaa	aga	gtt	tta	caa	aca	atg	gta	gac	cgc	gat	cta	aag	38624
Ala	Tyr	Glu	Arg	Val	Leu	Gln	Thr	Met	Val	Asp	Arg	Asp	Leu	Lys	
6070					6075					6080					
gag	gcc	aac	gca	gag	ctt	gca	cag	ttt	cgt	atg	gtg	tgt	cag	gca	38669
Glu	Ala	Asn	Ala	Glu	Leu	Ala	Gln	Phe	Arg	Met	Val	Cys	Gln	Ala	
6085					6090					6095					
aca	aag	aac	cgt	gca	ata	caa	att	tta	caa	aac	att	gtt	gat	acg	38714
Thr	Lys	Asn	Arg	Ala	Ile	Gln	Ile	Leu	Gln	Asn	Ile	Val	Asp	Thr	
6100					6105					6110					
gcc	aat	gcc	act	gag	caa	caa	gaa	gac	gtg	gat	ttc	act	aac	ctg	38759
Ala	Asn	Ala	Thr	Glu	Gln	Gln	Glu	Asp	Val	Asp	Phe	Thr	Asn	Leu	
6115					6120					6125					
aag	acg	tta	tta	aaa	cta	acc	ccc	cct	ccc	aaa	aca	att	gca	ttg	38804
Lys	Thr	Leu	Leu	Lys	Leu	Thr	Pro	Pro	Pro	Lys	Thr	Ile	Ala	Leu	
6130					6135					6140					

gcc	att gat aga tct act	tcc gtt cag gac att	gtc acg cag ttt	38849
Ala	Ile Asp Arg Ser Thr	Ser Val Gln Asp Ile	Val Thr Gln Phe	
6145	6150	6155		
gca	ttg ctg tta ggg cgt	ctg gaa gaa gaa act	ggt acg ttg gac	38894
Ala	Leu Leu Leu Gly Arg	Leu Glu Glu Glu Thr	Gly Thr Leu Asp	
6160	6165	6170		
att	cag gcg gtt gac tgg	atg tac caa gct cgc	aat att att gac	38939
Ile	Gln Ala Val Asp Trp	Met Tyr Gln Ala Arg	Asn Ile Ile Asp	
6175	6180	6185		
tcc	cat cca cta agt gtg	cgt ata gac ggt acc	ggc ccc ctg cat	38984
Ser	His Pro Leu Ser Val	Arg Ile Asp Gly Thr	Gly Pro Leu His	
6190	6195	6200		
act	tat aaa gat agg gtg	gat aaa ctt tat gcg	tta cga act aaa	39029
Thr	Tyr Lys Asp Arg Val	Asp Lys Leu Tyr Ala	Leu Arg Thr Lys	
6205	6210	6215		
tta	gat ctc cta cga cga	cga ata gaa acc ggt	gag gtt acg tgg	39074
Leu	Asp Leu Leu Arg Arg	Arg Ile Glu Thr Gly	Glu Val Thr Trp	
6220	6225	6230		
gac	gat gca tgg aca aca	ttt aaa aga gaa acg	ggg gat atg ttg	39119
Asp	Asp Ala Trp Thr Thr	Phe Lys Arg Glu Thr	Gly Asp Met Leu	
6235	6240	6245		
gca	tcg ggg gac acg tac	gct act tcc gta gat	agt ata aag gca	39164
Ala	Ser Gly Asp Thr Tyr	Ala Thr Ser Val Asp	Ser Ile Lys Ala	
6250	6255	6260		
ctc	cag gca tcg gcg tct	gtg gtt gac atg ctt	tgt tcc gaa ccc	39209
Leu	Gln Ala Ser Ala Ser	Val Val Asp Met Leu	Cys Ser Glu Pro	
6265	6270	6275		
gaa	ttt ttt tta ttg cct	gtg gaa acg aaa aac	cgt ctc caa aaa	39254
Glu	Phe Phe Leu Leu Pro	Val Glu Thr Lys Asn	Arg Leu Gln Lys	
6280	6285	6290		
aag	caa cag gaa cgt aaa	acg gcg ttg gat gtt	gtg ttg caa aaa	39299
Lys	Gln Gln Glu Arg Lys	Thr Ala Leu Asp Val	Val Leu Gln Lys	
6295	6300	6305		
caa	aga cag ttt gaa gag	acc gcg tct cgc tta	cga gct tta att	39344
Gln	Arg Gln Phe Glu Glu	Thr Ala Ser Arg Leu	Arg Ala Leu Ile	
6310	6315	6320		
gaa	cgt att cca acg gag	agt gac cat gac gtt	ctt cgt atg tta	39389

Glu	Arg	Ile	Pro	Thr	Glu	Ser	Asp	His	Asp	Val	Leu	Arg	Met	Leu	
6325					6330					6335					
tta	cgt	gat	ttc	gat	caa	ttt	aca	cat	ttg	cct	ata	tgg	ata	aaa	39434
Leu	Arg	Asp	Phe	Asp	Gln		Phe	Thr	His	Leu	Pro	Ile	Trp	Ile	Lys
6340					6345					6350					
aca	cag	tat	atg	aca	ttt	cga	aat	tta	ctc	atg	gta	cg	tta	ggc	39479
Thr	Gln	Tyr	Met	Thr	Phe	Arg	Asn	Leu	Leu	Met	Val	Arg	Leu	Gly	
6355					6360					6365					
ttg	tat	gca	agt	tat	gct	gag	att	ttt	cca	ccc	gcg	tct	cca	aac	39524
Leu	Tyr	Ala	Ser	Tyr	Ala	Glu	Ile	Phe	Pro	Pro	Ala	Ser	Pro	Asn	
6370					6375					6380					
gga	gta	ttt	gct	cct	att	ccc	gcc	atg	tcg	ggt	gta	tgt	cta	gaa	39569
Gly	Val	Phe	Ala	Pro	Ile	Pro	Ala	Met	Ser	Gly	Val	Cys	Leu	Glu	
6385					6390					6395					
gac	caa	tcc	cga	tgc	att	cgc	gcg	cg	gt	gcc	g	ttt	atg	gg	39614
Asp	Gln	Ser	Arg	Cys	Ile	Arg	Ala	Arg	Val	Ala	Ala	Phe	Met	Gly	
6400					6405					6410					
gag	g	c	t	c	t	g	t	g	c	a	g	a	t	c	39659
Glu	Ala	Ser	Val	Val	Gln	Thr	Phe	Arg	Glu	Ala	Arg	Ser	Ser	Ile	
6415					6420					6425					
gac	g	c	t	t	t	g	g	a	a	t	t	t	t	t	39704
Asp	Ala	Leu	Phe	Gly	Lys	Asn	Leu	Thr	Phe	Tyr	Leu	Asp	Thr	Asp	
6430					6435					6440					
gg	g	t	t	t	g	g	a	a	g	t	t	g	g	g	39749
Gly	Val	Pro	Leu	Arg	Tyr	Arg	Val	Cys	Tyr	Lys	Ser	Val	Gly	Val	
6445					6450					6455					
aaa	ctt	gga	acc	atg	cta	tgc	agt	cag	ggt	gga	tta	tct	tta	cga	39794
Lys	Leu	Gly	Thr	Met	Leu	Cys	Ser	Gln	Gly	Gly	Leu	Ser	Leu	Arg	
6460					6465					6470					
ccg	gca	ctt	ccc	gat	gaa	ggt	att	gt	gaa	gaa	act	aca	cta	tcg	39839
Pro	Ala	Leu	Pro	Asp	Glu	Gly	Ile	Val	Glu	Glu	Thr	Thr	Leu	Ser	
6475					6480					6485					
gca	tta	cgc	gt	gcc	aat	gag	gtc	aat	gag	cta	cgc	att	gaa	tac	39884
Ala	Leu	Arg	Val	Ala	Asn	Glu	Val	Asn	Glu	Leu	Arg	Ile	Glu	Tyr	
6490					6495					6500					
gaa	tcc	gct	ata	aaa	tcc	ggg	ttt	tct	gcc	ttt	tcc	acc	ttt	gtt	39929
Glu	Ser	Ala	Ile	Lys	Ser	Gly	Phe	Ser	Ala	Phe	Ser	Thr	Phe	Val	
6505					6510					6515					

agg	cat	cgc	cac	gcc	gaa	tgg	ggt	aaa	acc	aac	gca	cgc	aga	gcc	39974
Arg	His	Arg	His	Ala	Glu	Trp	Gly	Lys	Thr	Asn	Ala	Arg	Arg	Ala	
6520				6525						6530					
att	gca	gag	ata	tac	gcc	ggc	ctt	ata	aca	aca	aca	ttg	aca	cga	40019
Ile	Ala	Glu	Ile	Tyr	Ala	Gly	Leu	Ile	Thr	Thr	Thr	Leu	Thr	Arg	
6535					6540					6545					
caa	tac	ggg	gtt	cat	tgg	gac	aag	ctt	att	tat	tct	ttt	gaa	aaa	40064
Gln	Tyr	Gly	Val	His	Trp	Asp	Lys	Leu	Ile	Tyr	Ser	Phe	Glu	Lys	
6550					6555					6560					
cac	cac	cta	act	tct	gtt	atg	ggc	aat	gga	cta	act	aaa	cca	atc	40109
His	His	Leu	Thr	Ser	Val	Met	Gly	Asn	Gly	Leu	Thr	Lys	Pro	Ile	
6565					6570					6575					
cag	aga	agg	ggt	gat	gtt	cgc	gta	tta	gag	tta	acc	cta	tct	gat	40154
Gln	Arg	Arg	Gly	Asp	Val	Arg	Val	Leu	Glu	Leu	Thr	Leu	Ser	Asp	
6580					6585					6590					
att	gta	act	att	ttg	gtt	gcc	aca	acc	ccg	gtt	cat	ctt	ctc	aat	40199
Ile	Val	Thr	Ile	Leu	Val	Ala	Thr	Thr	Pro	Val	His	Leu	Leu	Asn	
6595					6600					6605					
ttt	gct	aga	ttg	gat	tta	att	aaa	cag	cat	gag	tat	atg	gcc	cgt	40244
Phe	Ala	Arg	Leu	Asp	Leu	Ile	Lys	Gln	His	Glu	Tyr	Met	Ala	Arg	
6610					6615					6620					
acc	ctc	aga	ccc	gtt	atc	gag	gcc	gca	ttt	aga	ggt	cgt	tta	ctc	40289
Thr	Leu	Arg	Pro	Val	Ile	Glu	Ala	Ala	Phe	Arg	Gly	Arg	Leu	Leu	
6625					6630					6635					
gtt	cgc	tca	ttg	gat	gga	gac	ccg	aaa	ggc	aat	gcc	cgg	gcc	ttt	40334
Val	Arg	Ser	Leu	Asp	Gly	Asp	Pro	Lys	Gly	Asn	Ala	Arg	Ala	Phe	
6640					6645					6650					
ttt	aat	gcc	gcc	cca	tcc	aaa	cat	aaa	ctc	ccg	tta	gct	ctt	gga	40379
Phe	Asn	Ala	Ala	Pro	Ser	Lys	His	Lys	Leu	Pro	Leu	Ala	Leu	Gly	
6655					6660					6665					
tca	aac	caa	gat	cct	acc	ggc	ggg	aga	ata	ttt	gca	ttt	cgg	atg	40424
Ser	Asn	Gln	Asp	Pro	Thr	Gly	Gly	Arg	Ile	Phe	Ala	Phe	Arg	Met	
6670					6675					6680					
gca	gat	tgg	aaa	ctt	gtt	aaa	atg	cca	cag	aaa	ata	acg	gat	cct	40469
Ala	Asp	Trp	Lys	Leu	Val	Lys	Met	Pro	Gln	Lys	Ile	Thr	Asp	Pro	
6685					6690					6695					
ttt	gcg	cca	tgg	caa	ctt	tcc	ccc	ccc	ccc	ggg	gta	aag	gcc	aat	40514

Phe	Ala	Pro	Trp	Gln	Leu	Ser	Pro	Pro	Gly	Val	Lys	Ala	Asn		
6700				6705					6710						
gtc	gat	gca	gtt	acc	cgt	ata	atg	gca	aca	gat	cgt	ctt	gcg	acc	40559
Val	Asp	Ala	Val	Thr	Arg	Ile	Met	Ala	Thr	Asp	Arg	Leu	Ala	Thr	
6715				6720					6725						
att	act	gta	ctt	ggg	cgc	atg	tgt	ctc	ccg	cca	att	tcc	tta	gtg	40604
Ile	Thr	Val	Leu	Gly	Arg	Met	Cys	Leu	Pro	Pro	Ile	Ser	Leu	Val	
6730				6735					6740						
tca	atg	tgg	aat	acg	ctg	caa	ccg	gag	gaa	ttc	gca	tac	aga	aca	40649
Ser	Met	Trp	Asn	Thr	Leu	Gln	Pro	Glu	Glu	Phe	Ala	Tyr	Arg	Thr	
6745				6750					6755						
caa	gat	gat	gtg	gac	att	ata	gtt	gat	gcg	aga	ctg	gat	ttg	tca	40694
Gln	Asp	Asp	Val	Asp	Ile	Ile	Val	Asp	Ala	Arg	Leu	Asp	Leu	Ser	
6760				6765					6770						
tcc	acg	ctt	aat	gca	aga	ttt	gat	acc	gct	ccc	agc	aat	acc	acg	40739
Ser	Thr	Leu	Asn	Ala	Arg	Phe	Asp	Thr	Ala	Pro	Ser	Asn	Thr	Thr	
6775				6780					6785						
tta	gag	tgg	aat	aca	gac	cgt	aaa	gta	att	aca	gat	gct	tat	att	40784
Leu	Glu	Trp	Asn	Thr	Asp	Arg	Lys	Val	Ile	Thr	Asp	Ala	Tyr	Ile	
6790				6795					6800						
caa	acc	ggg	gca	acg	aca	gtt	ttt	aca	gta	acg	ggg	gcg	gca	cca	40829
Gln	Thr	Gly	Ala	Thr	Thr	Val	Phe	Thr	Val	Thr	Gly	Ala	Ala	Pro	
6805				6810					6815						
act	cac	gtt	tct	aat	gta	aca	gcg	ttt	gac	ata	gca	act	acg	gct	40874
Thr	His	Val	Ser	Asn	Val	Thr	Ala	Phe	Asp	Ile	Ala	Thr	Thr	Ala	
6820				6825					6830						
att	tta	ttt	ggg	gct	cct	ttg	gtt	att	gcc	atg	gaa	ctt	aca	tcc	40919
Ile	Leu	Phe	Gly	Ala	Pro	Leu	Val	Ile	Ala	Met	Glu	Leu	Thr	Ser	
6835				6840					6845						
gtt	ttt	tca	caa	aat	tcc	gga	ctt	act	ttg	ggg	tta	aaa	tta	ttc	40964
Val	Phe	Ser	Gln	Asn	Ser	Gly	Leu	Thr	Leu	Gly	Leu	Lys	Leu	Phe	
6850				6855					6860						
gat	tcc	cg	cat	atg	gct	aca	gat	tcg	ggt	ata	tcc	tca	gcc	gta	41009
Asp	Ser	Arg	His	Met	Ala	Thr	Asp	Ser	Gly	Ile	Ser	Ser	Ala	Val	
6865				6870					6875						
tct	ccc	gat	att	gtt	tct	tgg	ggg	tta	cgt	tta	ctg	cat	atg	gat	41054
Ser	Pro	Asp	Ile	Val	Ser	Trp	Gly	Leu	Arg	Leu	Leu	His	Met	Asp	
6880				6885					6890						

cct	cac	cca	att	gaa	aat	gca	tgt	tta	att	gtc	caa	cta	gaa	aaa	41099
Pro	His	Pro	Ile	Glu	Asn	Ala	Cys	Leu	Ile	Val	Gln	Leu	Glu	Lys	
6895				6900						6905					
ctg	tcc	gcg	ctc	att	gca	aac	aaa	cct	ctt	aca	aac	aat	ccc	ccg	41144
Leu	Ser	Ala	Leu	Ile	Ala	Asn	Lys	Pro	Leu	Thr	Asn	Asn	Pro	Pro	
6910				6915						6920					
tgt	tta	ctg	cta	ttg	gac	gaa	cat	atg	aat	ccc	tct	tat	gtt	tta	41189
Cys	Leu	Leu	Leu	Leu	Asp	Glu	His	Met	Asn	Pro	Ser	Tyr	Val	Leu	
6925				6930						6935					
tgg	gaa	cga	aaa	gac	tcg	att	cca	gct	ccg	gat	tat	gtg	gtc	ttt	41234
Trp	Glu	Arg	Lys	Asp	Ser	Ile	Pro	Ala	Pro	Asp	Tyr	Val	Val	Phe	
6940				6945						6950					
tgg	ggg	cca	gaa	tct	ctt	att	gat	ttg	ccg	tac	atc	gac	tcc	gat	41279
Trp	Gly	Pro	Glu	Ser	Leu	Ile	Asp	Leu	Pro	Tyr	Ile	Asp	Ser	Asp	
6955				6960						6965					
gag	gac	tct	ttc	ccc	tcg	tgt	ccc	gat	gat	cca	ttt	tac	tcg	caa	41324
Glu	Asp	Ser	Phe	Pro	Ser	Cys	Pro	Asp	Asp	Pro	Phe	Tyr	Ser	Gln	
6970				6975						6980					
att	att	gcc	ggt	tat	gcg	ccc	caa	ggc	ccc	cca	aac	ctc	gac	aca	41369
Ile	Ile	Ala	Gly	Tyr	Ala	Pro	Gln	Gly	Pro	Pro	Asn	Leu	Asp	Thr	
6985				6990						6995					
act	gat	ttt	tac	cca	acg	gag	cca	cta	ttt	aag	tct	ccc	gtt	caa	41414
Thr	Asp	Phe	Tyr	Pro	Thr	Glu	Pro	Leu	Phe	Lys	Ser	Pro	Val	Gln	
7000				7005						7010					
gtt	gtt	aga	agt	tcc	aaa	tgt	aaa	aaa	atg	ccc	gtc	cg	ccc	gcg	41459
Val	Val	Arg	Ser	Ser	Lys	Cys	Lys	Lys	Met	Pro	Val	Arg	Pro	Ala	
7015				7020						7025					
cag	ccc	gcg	cag	ccc	gcg	cag	ccc	gag	acc	gtc	41504				
Gln	Pro	Ala	Gln	Pro	Ala	Gln	Pro	Ala	Gln	Ala	Gln	Thr	Val		
7030				7035						7040					
cag	ccc	gcg	cag	ccc	ata	gaa	ccg	ggc	aca	caa	ata	gtg	gt	caa	41549
Gln	Pro	Ala	Gln	Pro	Ile	Glu	Pro	Gly	Thr	Gln	Ile	Val	Val	Gln	
7045				7050						7055					
aat	ttt	aag	aaa	ccc	caa	agc	gta	aaa	aca	acc	ctt	agc	caa	aaa	41594
Asn	Phe	Lys	Lys	Pro	Gln	Ser	Val	Lys	Thr	Thr	Leu	Ser	Gln	Lys	
7060				7065						7070					
gat	att	ccc	ttg	tat	gtg	gaa	acc	gaa	tca	gaa	acg	gct	gtg	ctt	41639

Asp	Ile	Pro	Leu	Tyr	Val	Glu	Thr	Glu	Ser	Glu	Thr	Ala	Val	Leu	
7075					7080					7085					
ata	cct	aag	caa	tta	acc	acc	tcc	att	aaa	aca	acc	gtt	tgt	aaa	41684
Ile	Pro	Lys	Gln	Leu	Thr	Thr	Ser	Ile	Lys	Thr	Thr	Val	Cys	Lys	
7090					7095					7100					
agt	att	acc	cca	cca	aat	aac	caa	ttg	tcg	gat	tgg	aaa	aat	aat	41729
Ser	Ile	Thr	Pro	Pro	Asn	Asn	Gln	Leu	Ser	Asp	Trp	Lys	Asn	Asn	
7105					7110					7115					
cca	cag	caa	aac	caa	acg	tta	aac	caa	gcg	ttc	agt	aaa	cca	ata	41774
Pro	Gln	Gln	Asn	Gln	Thr	Leu	Asn	Gln	Ala	Phe	Ser	Lys	Pro	Ile	
7120					7125					7130					
ctt	gag	att	acc	tcc	att	ccg	aca	gat	gac	tcg	ata	tct	tac	cgg	41819
Leu	Glu	Ile	Thr	Ser	Ile	Pro	Thr	Asp	Asp	Ser	Ile	Ser	Tyr	Arg	
7135					7140					7145					
act	tgg	att	gaa	aaa	tca	aat	caa	aca	caa	aaa	cgg	cat	caa	aat	41864
Thr	Trp	Ile	Glu	Lys	Ser	Asn	Gln	Thr	Gln	Lys	Arg	His	Gln	Asn	
7150					7155					7160					
gac	cct	cga	atg	tat	aac	tcc	aaa	aca	gta	ttc	cac	cct	gta	aat	41909
Asp	Pro	Arg	Met	Tyr	Asn	Ser	Lys	Thr	Val	Phe	His	Pro	Val	Asn	
7165					7170					7175					
aac	caa	tta	cct	tct	tgg	gtt	gac	acg	gca	gcc	gat	gcc	ccc	caa	41954
Asn	Gln	Leu	Pro	Ser	Trp	Val	Asp	Thr	Ala	Ala	Asp	Ala	Pro	Gln	
7180					7185					7190					
acg	gac	cta	ttg	aca	aac	tat	aaa	aca	aga	cag	ccg	tcg	cca	aac	41999
Thr	Asp	Leu	Leu	Thr	Asn	Tyr	Lys	Thr	Arg	Gln	Pro	Ser	Pro	Asn	
7195					7200					7205					
ttt	ccg	cg	gac	gta	cac	aca	tgg	ggc	gta	tct	tct	aat	ccg	ttt	42044
Phe	Pro	Arg	Asp	Val	His	Thr	Trp	Gly	Val	Ser	Ser	Asn	Pro	Phe	
7210					7215					7220					
aac	tca	ccg	aac	aga	gac	cta	tat	caa	agt	gat	ttt	agt	gaa	cct	42089
Asn	Ser	Pro	Asn	Arg	Asp	Leu	Tyr	Gln	Ser	Asp	Phe	Ser	Glu	Pro	
7225					7230					7235					
tct	gac	ggc	tat	agc	agt	gag	agt	gaa	aat	tct	atc	gta	cta	agt	42134
Ser	Asp	Gly	Tyr	Ser	Ser	Glu	Ser	Glu	Asn	Ser	Ile	Val	Leu	Ser	
7240					7245					7250					
ctc	gac	gaa	cat	cg	tca	tgt	cg	gc	gtt	cct	agg	cac	gta	cg	42179
Leu	Asp	Glu	His	Arg	Ser	Cys	Arg	Val	Pro	Arg	His	Val	Arg	Val	
7255					7260					7265					



gtagtttggg tatcgggtaa cgcaggtaa atgtcacttt gcatttgaac agacgtgtt 43374  
 ggacttccgt tctcggtgg ggatctgaat gaaggccgcc agcgtatata ttcatccaaa 43434  
 ttattgccag tttccttata catgtatgca tccgtggcgc gggccataag tttaatggt 43494  
 cgagatggat cttccggtcc cataaaacga aaggataact gaacatatgg cattcgcaca 43554  
 aagcagttca cccacattaa agcctggaga ggtcggcggt caatacccc acctcgta 43614  
 attgattcca aagcagatag gttgataccg gtacttaacg ttgaactaag aatcacgtt 43674  
 ttactgtcaa tggacacttc agccactggt gcgttagtcg gacgaaaaaa aaaacctga 43734  
 aatagcacag acaccccgat attttgaatt tttatgtaa ggtcacaatc tacttgccc 43794  
 caattcgcca ttaaacgcat aatatactct accggaaagg cticggatac gttgtctcg 43854  
 ccgttaaact gaaaaacaca acggcgggg gggcggtgtg gatcaaatat tggaagatcc 43914  
 ccatcgcaac attgaagagc gcttggtacc accaaccgaa tacgttgtaa aagattatct 43974  
 ccgcaacccc tcctgcgttc actccgtaca tacgttctcc gtgacatatt gatctaaggt 44034  
 tgcaaaccac ggcacacgacg tgaagtattt agaccattta tcgtggata taggaggagt 44094  
 ttggagtgtt ccacccctg acgacttatt aatgcgtta tttcccat gtattaagca 44154  
 tccttcaata tttcatgcaa atctagaaat ttggccatga ctccgc当地 gcgttcacgg 44214  
 cgacgggtca cgctggact atgtcacat ggaacaacat aagcagattt ttctgaatcg 44274  
 ttactttttt tatgtttaa aacggacgcc aggcgactgg taaatgatataaattttat 44334  
 tgagcgtcag ttgttaggt aattgcttct attccgggg gaattaaattt ttcaaaccac 44394  
 acggaaagag taaaggtgct atcagcagga aaatactttt actccagtgc atcgatattt 44454  
 aatagattaa catcggtgtc tgtaattaa tcgcggccccc tcatcccaga g atg gat 44511  
 Met Asp  
 7335

cg gta gaa tca gaa gaa ccc atg gat gga ttc gaa tcg ccc gta 44556  
 Arg Val Glu Ser Glu Glu Pro Met Asp Gly Phe Glu Ser Pro Val  
 7340 7345 7350

ttc tcc gaa aat aca tct tct aat tcc gga tgg tgt tcc gac gca 44601  
 Phe Ser Glu Asn Thr Ser Ser Asn Ser Gly Trp Cys Ser Asp Ala  
 7355 7360 7365

ttt tcc gat tcg tac atc gct tat aat cca gcc ctt ctg cta aaa Phe Ser Asp Ser Tyr Ile Ala Tyr Asn Pro Ala Leu Leu Leu Lys 7370 7375 7380	44646
aac gat ttg tta ttt tca gaa ttg tta ttt gcc tcc cac tta ata Asn Asp Leu Leu Phe Ser Glu Leu Leu Phe Ala Ser His Leu Ile 7385 7390 7395	44691
aat gtt ccc cgt gca ata gaa aac aac gtc act tat gag gcc tct Asn Val Pro Arg Ala Ile Glu Asn Asn Val Thr Tyr Glu Ala Ser 7400 7405 7410	44736
tcg gcg gta ggt gtg gat aat gaa atg acc tca agt acc act gaa Ser Ala Val Gly Val Asp Asn Glu Met Thr Ser Ser Thr Thr Glu 7415 7420 7425	44781
ttt ata gaa gaa att gga gac gtt ttg gcg tta gac aga gcc tgt Phe Ile Glu Glu Ile Gly Asp Val Leu Ala Leu Asp Arg Ala Cys 7430 7435 7440	44826
ttg gtc tgc aga acg ctt gat ttg tat aaa cgt aaa ttt gga ctg Leu Val Cys Arg Thr Leu Asp Leu Tyr Lys Arg Lys Phe Gly Leu 7445 7450 7455	44871
aca ccg gaa tgg gtt gcg gac tac gcc atg tta tgt atg aaa agt Thr Pro Glu Trp Val Ala Asp Tyr Ala Met Leu Cys Met Lys Ser 7460 7465 7470	44916
ctg gca tcc ccg ccc tgt gca gtt gtc act ttt agc gct gcc ttt Leu Ala Ser Pro Pro Cys Ala Val Val Thr Phe Ser Ala Ala Phe 7475 7480 7485	44961
gaa ttt gtg tat ctt atg gat cgt tac tac ctg tgc cgt tat aac Glu Phe Val Tyr Leu Met Asp Arg Tyr Tyr Leu Cys Arg Tyr Asn 7490 7495 7500	45006
gtt act ttg gtt ggg tcc ttt gcc agg cgc acg ctt tcc ctg tta Val Thr Leu Val Gly Ser Phe Ala Arg Arg Thr Leu Ser Leu Leu 7505 7510 7515	45051
gat ata caa aga cat ttt ttt ttg cat gta tgt ttt cgt acc gat Asp Ile Gln Arg His Phe Phe Leu His Val Cys Phe Arg Thr Asp 7520 7525 7530	45096
gga ggg tta cca ggt ata cga ccg ccc ccc ggt aag gaa atg gcc Gly Gly Leu Pro Gly Ile Arg Pro Pro Pro Gly Lys Glu Met Ala 7535 7540 7545	45141
aac aaa gta aga tat tcc aat tac tcc ttt ttt gta cag gcg gta 45186	

Asn Lys Val Arg Tyr	Ser Asn Tyr Ser Phe	Phe Val Gln Ala Val	
7550	7555	7560	
gtt agg gct gca tta	cta tcg atc agc acg	tct cgt tta gac gaa	45231
Val Arg Ala Ala Leu	Leu Ser Ile Ser Thr	Ser Arg Leu Asp Glu	
7565	7570	7575	
acc gaa acg cgt aag	tca ttt tac ttt aat	cag gac gga ctg act	45276
Thr Glu Thr Arg Lys	Ser Phe Tyr Phe Asn	Gln Asp Gly Leu Thr	
7580	7585	7590	
gga ggc cct caa cct	tta gcg gcc gcc ttg	gct aat tgg aaa gat	45321
Gly Gly Pro Gln Pro	Leu Ala Ala Ala Leu	Ala Asn Trp Lys Asp	
7595	7600	7605	
tgc gcg cgg atg gtt	gac tgt tca tca tcg	gaa cat cgc aca agt	45366
Cys Ala Arg Met Val	Asp Cys Ser Ser Ser	Glu His Arg Thr Ser	
7610	7615	7620	
ggg atg att acc tgc	gcg gaa cgt gca tta	aaa gag gat ata gag	45411
Gly Met Ile Thr Cys	Ala Glu Arg Ala Leu	Lys Glu Asp Ile Glu	
7625	7630	7635	
ttt gaa gat ata tta	ata gac aaa ctt aaa	aaa tcg tct tac gta	45456
Phe Glu Asp Ile Leu	Ile Asp Lys Leu Lys	Lys Ser Ser Tyr Val	
7640	7645	7650	
gaa gca gct tgg ggt	tac gca gac ttg gct	tta tta tta ctg agt	45501
Glu Ala Ala Trp Gly	Tyr Ala Asp Leu Ala	Leu Leu Leu Leu Ser	
7655	7660	7665	
ggg gtt gct act tgg	aat gta gac gag cgt	aca aat tgt gct ata	45546
Gly Val Ala Thr Trp	Asn Val Asp Glu Arg	Thr Asn Cys Ala Ile	
7670	7675	7680	
gaa act cgc gtt gga	tgt gtt aaa tca tac	tgg cag gcg aac cgg	45591
Glu Thr Arg Val Gly	Cys Val Lys Ser Tyr	Trp Gln Ala Asn Arg	
7685	7690	7695	
att gaa aac tcc agg	gac gtt cca aaa caa	ttt tcc aaa ttt acg	45636
Ile Glu Asn Ser Arg	Asp Val Pro Lys Gln	Phe Ser Lys Phe Thr	
7700	7705	7710	
agc gag gat gcc tgt	ccc gaa gta gca ttt	ggg cct att ttg tta	45681
Ser Glu Asp Ala Cys	Pro Glu Val Ala Phe	Gly Pro Ile Leu Leu	
7715	7720	7725	
act acc tta aaa aac	gca aag tgc cgt ggt	cgc acg aat acc gaa	45726
Thr Thr Leu Lys Asn	Ala Lys Cys Arg Gly	Arg Thr Asn Thr Glu	
7730	7735	7740	

tgc atg tta tgt tgt	tta tta acc ata ggg	cac tat tgg atc gct	45771
Cys Met Leu Cys Cys	Leu Leu Thr Ile Gly	His Tyr Trp Ile Ala	
7745	7750	7755	
ttg cgg cag ttt aaa	agg gat ata tta gca	tac tca gca aat aac	45816
Leu Arg Gln Phe Lys	Arg Asp Ile Leu Ala	Tyr Ser Ala Asn Asn	
7760	7765	7770	
aca agt tta ttt gac	tgt atc gaa cct gta	atc aat gca tgg agc	45861
Thr Ser Leu Phe Asp	Cys Ile Glu Pro Val	Ile Asn Ala Trp Ser	
7775	7780	7785	
cta gat aac ccc att	aaa ctt aaa ttt cca	ttt aat gat gag ggt	45906
Leu Asp Asn Pro Ile	Lys Leu Lys Phe Pro	Phe Asn Asp Glu Gly	
7790	7795	7800	
cga ttc ata acc att	gta aaa gca gca ggt	tcc gag gcc gta tat	45951
Arg Phe Ile Thr Ile	Val Lys Ala Ala Gly	Ser Glu Ala Val Tyr	
7805	7810	7815	
aaa cat tta ttt tgc	gat ctc cta tgc gct	ctc tcg gaa tta cag	45996
Lys His Leu Phe Cys	Asp Leu Leu Cys Ala	Leu Ser Glu Leu Gln	
7820	7825	7830	
aca aac cct aaa att	tta ttt gcc cat cct	aca acc gcg gat aag	46041
Thr Asn Pro Lys Ile	Leu Phe Ala His Pro	Thr Thr Ala Asp Lys	
7835	7840	7845	
gaa gtg ttg gag tta	tat aaa gcc caa ctg	gct gca caa aac aga	46086
Glu Val Leu Glu Leu	Tyr Lys Ala Gln Leu	Ala Ala Gln Asn Arg	
7850	7855	7860	
ttt gaa ggt cgt gta	tgt gct ggc ctg tgg	aca ttg gcg tat gca	46131
Phe Glu Gly Arg Val	Cys Ala Gly Leu Trp	Thr Leu Ala Tyr Ala	
7865	7870	7875	
ttt aaa gcc tac cag	att ttt cca cgc aaa	cca acc gcc aat gcc	46176
Phe Lys Ala Tyr Gln	Ile Phe Pro Arg Lys	Pro Thr Ala Asn Ala	
7880	7885	7890	
gca ttc ata cga gat	gga gga ctt atg ctt	cga cga cat gca ata	46221
Ala Phe Ile Arg Asp	Gly Gly Leu Met Leu	Arg Arg His Ala Ile	
7895	7900	7905	
tcg ctg gtc tcc ctc	gaa cac acc cta tcg	aag tat gtc tag	46263
Ser Leu Val Ser Leu	Glu His Thr Leu Ser	Lys Tyr Val	
7910	7915		
gcgatataaa tccgtatctc ggagcgggcc ttcgatgcgt gtacgctcca gaacgccatg 46323			

ccggccgtcaa accattcgag gaaaacttat gtcaaaggag cggctgtgt accgccatta 46383  
 ttttaattac atcgcaaggt cccccccaga agaacttagct accgttagag gcttaatcgt 46443  
 gccaattatt aagacgaccc ctgtcacccct tccgttaac ttgggtcaga cagtggcga 46503  
 taactgcctg tcgttatccg gaatgggtta tcatttaggt ctcggagggtt attgtccgac 46563  
 atgcactgca tctggagaac cgcgctatg tcgaaccgat cggccggctc tgatactagc 46623  
 atatgttcag cagcttaaca acatatacga atatcggtg tttcttgcatt ccatttggc 46683  
 gctatcagac cgagccaaca tgcaagcagc gtccgctgaa cccctattgt cgagcgtatt 46743  
 ggcacaaccg gaattattttt ttatgtatca tattatgagg gagggggca tgcgagatat 46803  
 acgcgtactt ttttacgtg atggagatgc cggagggtt atgatgtatg ttatattcc 46863  
 gggaaatct gttcacctcc attacagact aatcgatcat atacaggccg cgtgtcgggg 46923  
 gtataaaata gtcgcacacg tttggcagac aacattttt ctgtcggtat gtcgcaaccc 46983  
 agaacaacaa acagagactg tggtgccatc cattggaaca tcggacgtt actgtaaaat 47043  
 gtgtgacctt aactttgatg gagaattgct tttggaatac aaaagactct acgcattatt 47103  
 tcatgacttt gttccctcctc ggtgattca gcttcagtgt tcattttatt atcccagcac 47163  
 ggggcgtgta tacaaacaaa gcctgcccgc tgcaagcggt ttagcatttt aacgttaaca 47223  
 actcgtgtct ctggaataaa acgtttaaa agccgttctg tgagtttagt gtcgtttcca 47283  
 aataacgcct taaaagttac actcgccgtc ccaatgagat gagaaaaata atagtcaatg 47343  
 tttaaagaca gcccgtgtga tggtacgtga atgggatctt ccgctaagtc agatattatt 47403  
 aacttacgct ttgcttcccc acaccgtta cctgcggtat tctgtaaagg atctccacgt 47463  
 agcaaagcta cacttttgc atcagcctcc acttcgtctg tggggccac aataacataa 47523  
 gggatgcgtt ctcgaacgtt tgggatttga ccctgtctca ttactaattt ataataact 47583  
 gttaagttag ccaagcgtacg gtttatgttag gcggatggtg gacgactaag ctcggccgtc 47643  
 ataacaaact tattaatatc caatttgggt gatgtatct ggcgtatgtc atctgcaatt 47703  
 atgcgtccaa acccgccat cccagacggc atggccgtc tattccattc agcaatggaa 47763  
 acacacgacg cctccgcccgc agcacgcgtacg acggatgtcgt catataacaa cagttctaca 47823

agtttgcggg cataatcggt aataaatgta cagttgttt ttctaaccaa gtcgactccc 47883  
ttcattaaaa ccttccgcc gtaaattacc ccaatgtact tttctttgt tataagcaaa 47943  
agttttataa aagtttttc acactccaac tttataggag gacaaaacag agccgttcaa 48003  
attatatgtg ccattttctc gccgattta gctatcccct caacactaac acccttgaat 48063  
cggataaaaca cagaatccgt atctccatat ataaccttta cctcgatgc ttttggag 48123  
agaacgctac tttcaatgtc tgaaacgct gtaataaaac gttcaaatgc ggcccagtta 48183  
ttatgaatat aatctctggt acttaataac atttgacggc caattgttagt gacagtggcc 48243  
gctacgtata aacatggcag aaatccctgc gcaactccag taaaaccgta cacggaatta 48303  
caaactactt ttatcgccgc ttgttgtttg tctaataaca ctgcttcatt tgaagaactt 48363  
ccgggtatgc ggcgtctaat agccttgcgc atagccaacc agtctttaa aagaacaccc 48423  
agcagacttt ctgcgaacggtt agagcgcaca aaaaaaagac gtttccctcc aactgtaaag 48483  
gtggcataat cgatggatt caaacgttta accgtctcaa aatttaacgt tagcgtggta 48543  
aaacataagt tatgggcctg aattataactt ggatataaaac ttgcaaaatc caatacgacc 48603  
accggatcga tataaaatcc cgtatcaggg tcaaaaaccc tggctccctt atatcctaca 48663  
tttcgccccac ttgacgtacc agtggagaa acgctctcg tttcatccat ctttccctca 48723  
acatccccga catcggaat aacatcccta tattcaaaag tagctggta tccccatcg 48783  
ggtaaaataa atcctcgaga cgaagccagt cctaataaac aggtgtaaat cctaaccgtc 48843  
tgtccgtcgtaa atatagcatt ggttaaagta attctagcta gccttgcaac cgccgataac 48903  
tcaaggtgtg gttaatattt aaaaaacagt ttccccacaa gagccgagtc ttgtatacaa 48963  
tattcaccaa taattccctcg tgtattcggt ccactagcgt aatatccgg aatgtcttg 49023  
tagggcaaat ctcttttggta ctcatccat gcttcacgtg caaccgaatc taatttataa 49083  
ctcgagagtt ttaatttttc agttgcaatt gcatacatat ccagagatat gagaccgtt 49143  
atcttaccc ttgttcgtcg ctgaaatccg gatttgccaa catcccatat cttaaacaga 49203  
cccccacggt ttataactgccc ataaccatca agcttgagac tgttatataa attaagttc 49263  
tccataataa acgccccatc aaaattaaca atgttataac ctgtggcaaa ctcggagcgt 49323

tactgttta cgagggcat aaatgcatt aatagctgaa attcactataa aaactccagg 49383  
acagtcggct ccggtaaccc cgcgtccttc atttcttgta cataccttg tggtaagtca 49443  
caagagccaa gggaaaacag taaaatgtgt tctaaagact gtcgagggat tgaatataat 49503  
agacaagaaa ttggattac aagatcctcc agatgtgttgc catcgaaac cgccagctca 49563  
ttagatcctc ctgatttaca ttcaatatacg aaacataaca actttagtc aggccatgag 49623  
tcatcgtttgc gtatagcctg cagattatcc gacatgcagt caattcaac gtcgcttaac 49683  
gttaattggc gacttgccgg tcgaactcga acacgttccc catcaactcc aggttttagt 49743  
tgataccaaac caaaactaac aaagccgggat ttatccatta gaaaacgagt ggtagcgtct 49803  
acccgacctt catabtttcaactccggg tgaaagttt cacaagata atttgtaaat 49863  
ttagatgagg gagaatacac cctgtaaaac gcacatggct gtgtatcgta gtaataaaca 49923  
tctgtgcgtt caataaccc aacgcgaaag ctttctggag atgcgtttt aaacgaggta 49983  
ccatgaaaag cgttcttgtc tccatttaac gtgcgttcat tttgttttat catagaactg 50043  
cgtaaacact cggcaagtaa tacagataac tcgctaccgg aacgtatgcc acaagcggta 50103  
tccacctcggtt ataaaaat tgcacatgc cgtatacatg aactgccacc 50163  
cttttccac atcggacat gccaaatggg gtaataacgg taccaagcgg tcgtgttgca 50223  
gttgcaaacc gggatacatc tccatttagac gcggcttctg ttgttgcac aatatcatat 50283  
acatggaatg tgtaaagcg ggggtcaaac ttatccccac gaaagtcgtt ttccccccaa 50343  
atattcacgc gtctaggcca ggggctggaa caacgaaaat ccagaatcgg aacttcttt 50403  
ccattacagt aaactttagg cggtcgacta agtgcgttcc cgtgaacccc ctttcgttct 50463  
tccatggca catcttcattc taaacattta ggggccaaaa attgaaacga tgacatggta 50523  
gttttgcac tatgaagaaa ttctctgtta ctaccgcgc cgggtttgg gtttatattta 50583  
atccctgatg cttgggttaa aaaggattt caaaaccccg ttctgtatcg cattttatgt 50643  
taacgattga taatcttgcataaaa agccagt gttactgagt aacacaaccc cacgccttc 50703  
taatacataa agtgcataa cgtgatttgc tgggtttcc gcatatgtaa taccgttta 50763  
aaagcctctc ttcttaatgt atcgacagac tgggtttgg gtggcattt gaccctgcca 50823

acaacccccc attattacga gtacttcacc aaa atg gaa aat act cag aag Met Glu Asn Thr Gln Lys 7920	50874
act gtg aca gtg ccc acg ggg ccc ctg ggt tac gtt tat gcg tgc Thr Val Thr Val Pro Thr Gly Pro Leu Gly Tyr Val Tyr Ala Cys 7925 7930 7935	50919
cgg gtt gaa gat ttg gat ctg gag gaa att tca ttt ttg gcc gct Arg Val Glu Asp Leu Asp Leu Glu Glu Ile Ser Phe Leu Ala Ala 7940 7945 7950	50964
cgt agc acg gac tct gat ttg gct tta tta cct ttg atg cgt aat Arg Ser Thr Asp Ser Asp Leu Ala Leu Leu Pro Leu Met Arg Asn 7955 7960 7965	51009
ttg acc gtg gaa aaa act ttt aca tcc agc ctg gcg gtg gtt tct Leu Thr Val Glu Lys Thr Phe Thr Ser Ser Leu Ala Val Val Ser 7970 7975 7980	51054
gga gca cgc act acg ggt ctt gcc gga gct ggt att acc tta aaa Gly Ala Arg Thr Thr Gly Leu Ala Gly Ala Gly Ile Thr Leu Lys 7985 7990 7995	51099
ctc act acc agt cat ttc tat cca tct gtc ttt gtc ttt cac gga Leu Thr Thr Ser His Phe Tyr Pro Ser Val Phe Val Phe His Gly 8000 8005 8010	51144
ggc aaa cac gtt tta ccc agc tcc gcg gcc cca aat ctc aca cgc Gly Lys His Val Leu Pro Ser Ser Ala Ala Pro Asn Leu Thr Arg 8015 8020 8025	51189
gcg tgt aac gcg gct cga gaa cggtt ggg ttt tca cgc tgc caa Ala Cys Asn Ala Ala Arg Glu Arg Phe Gly Phe Ser Arg Cys Gln 8030 8035 8040	51234
ggg cct cct gtt gac ggt gct gtt gag acg acc ggc gct gag ata Gly Pro Pro Val Asp Gly Ala Val Glu Thr Thr Gly Ala Glu Ile 8045 8050 8055	51279
tgc acc cgc ctt gga tta gag cca gaa aat aca ata tta tac ttg Cys Thr Arg Leu Gly Leu Glu Pro Glu Asn Thr Ile Leu Tyr Leu 8060 8065 8070	51324
gtg gtc acg gca ttg ttt aag gaa gcc gta ttt atg tgc aac gtg Val Val Thr Ala Leu Phe Lys Glu Ala Val Phe Met Cys Asn Val 8075 8080 8085	51369
ttt ctg cat tat gga gga ctc gat att gtt cat att aac cat ggg 51414	

Phe	Leu	His	Tyr	Gly	Gly	Leu	Asp	Ile	Val	His	Ile	Asn	His	Gly	
8090				8095						8100					
gat	gtt	ata	cgt	ata	ccg	tta	ttt	ccg	gta	caa	ctt	ttc	atg	ccc	51459
Asp	Val	Ile	Arg	Ile	Pro	Leu	Phe	Pro	Val	Gln	Leu	Phe	Met	Pro	
8105				8110						8115					
gat	gtt	aac	cgt	ctg	gta	ccc	gac	cca	ttc	aac	act	cat	cac	agg	51504
Asp	Val	Asn	Arg	Leu	Val	Pro	Asp	Pro	Phe	Asn	Thr	His	His	Arg	
8120				8125						8130					
tct	atc	gga	gag	ggt	ttt	gta	tac	cca	aca	ccc	ttt	tat	aac	acc	51549
Ser	Ile	Gly	Glu	Gly	Phe	Val	Tyr	Pro	Thr	Pro	Phe	Tyr	Asn	Thr	
8135				8140						8145					
ggg	ttg	tgc	cat	tta	ata	cat	gac	tgt	gtt	att	gct	ccc	atg	gcc	51594
Gly	Leu	Cys	His	Leu	Ile	His	Asp	Cys	Val	Ile	Ala	Pro	Met	Ala	
8150				8155						8160					
gtt	gcc	ttg	cgc	gtc	aga	aat	gta	act	gcc	gtc	gcc	cga	gga	gcg	51639
Val	Ala	Leu	Arg	Val	Arg	Asn	Val	Thr	Ala	Val	Ala	Arg	Gly	Ala	
8165				8170						8175					
gcc	cac	ctt	gct	ttt	gat	gaa	aat	cac	gag	ggg	gca	gta	ctc	ccc	51684
Ala	His	Leu	Ala	Phe	Asp	Glu	Asn	His	Glu	Gly	Ala	Val	Leu	Pro	
8180				8185						8190					
cct	gac	att	acg	tac	acg	tat	ttt	cag	tcc	tct	tca	agt	gga	acc	51729
Pro	Asp	Ile	Thr	Tyr	Thr	Tyr	Phe	Gln	Ser	Ser	Ser	Ser	Gly	Thr	
8195				8200						8205					
act	acc	gcc	cgt	gga	gcg	cgt	cga	aac	gat	gtc	aac	tcc	acg	tct	51774
Thr	Thr	Ala	Arg	Gly	Ala	Arg	Arg	Asn	Asp	Val	Asn	Ser	Thr	Ser	
8210				8215						8220					
aag	cct	agc	cca	tcg	ggg	ggg	ttt	gaa	aga	cgg	ttg	gcg	tct	att	51819
Lys	Pro	Ser	Pro	Ser	Gly	Gly	Phe	Glu	Arg	Arg	Leu	Ala	Ser	Ile	
8225				8230						8235					
atg	gcc	gct	gac	aca	gcc	ttg	cac	gca	gaa	gtt	ata	ttc	aac	act	51864
Met	Ala	Ala	Asp	Thr	Ala	Leu	His	Ala	Glu	Val	Ile	Phe	Asn	Thr	
8240				8245						8250					
gga	att	tac	gaa	gaa	act	cca	aca	gat	atc	aaa	gaa	tgg	cca	atg	51909
Gly	Ile	Tyr	Glu	Glu	Thr	Pro	Thr	Asp	Ile	Lys	Glu	Trp	Pro	Met	
8255				8260						8265					
ttt	ata	ggc	atg	gag	ggc	act	ttg	cca	agg	cta	aac	gct	ctg	ggg	51954
Phe	Ile	Gly	Met	Glu	Gly	Thr	Leu	Pro	Arg	Leu	Asn	Ala	Leu	Gly	
8270				8275						8280					

tca	tat acc gct cgt gtg	gcc ggg gtc att ggt	gcg atg gtt ttc	51999
Ser	Tyr Thr Ala Arg Val	Ala Gly Val Ile Gly	Ala Met Val Phe	
8285	8290	8295		
agc	cca aat tct gcg ttg	tat cta act gag gtg	gag gat agc ggg	52044
Ser	Pro Asn Ser Ala Leu	Tyr Leu Thr Glu Val	Glu Asp Ser Gly	
8300	8305	8310		
atg	acc gaa gcc aag gat	ggg gga ccg ggt cca	tca ttt aat cga	52089
Met	Thr Glu Ala Lys Asp	Gly Gly Pro Gly Pro	Ser Phe Asn Arg	
8315	8320	8325		
ttt	tac cag ttt gcc gga	cct cat tta gct gcg	aat ccc caa aca	52134
Phe	Tyr Gln Phe Ala Gly	Pro His Leu Ala Ala	Asn Pro Gln Thr	
8330	8335	8340		
gat	cga gat ggc cac gtt	cta tcc agt cag tct	acg ggt tca tca	52179
Asp	Arg Asp Gly His Val	Leu Ser Ser Gln Ser	Thr Gly Ser Ser	
8345	8350	8355		
aac	aca gag ttt agc gtg	gat tat ttg gca ctc	att tgt gga ttt	52224
Asn	Thr Glu Phe Ser Val	Asp Tyr Leu Ala Leu	Ile Cys Gly Phe	
8360	8365	8370		
gga	gca ccc ctg ttg gcg	cga ctg ctt ttt tat	cta gaa cgc tgt	52269
Gly	Ala Pro Leu Leu Ala	Arg Leu Leu Phe Tyr	Leu Glu Arg Cys	
8375	8380	8385		
gac	gct ggt gcg ttt aca	ggg ggt cac ggg gat	gcg tta aaa tat	52314
Asp	Ala Gly Ala Phe Thr	Gly Gly His Gly Asp	Ala Leu Lys Tyr	
8390	8395	8400		
gtt	acg ggg acc ttt gac	tct gaa att cca tgt	agt tta tgt gaa	52359
Val	Thr Gly Thr Phe Asp	Ser Glu Ile Pro Cys	Ser Leu Cys Glu	
8405	8410	8415		
aaa	cac acg cgg ccg gta	tgc gct cac aca aca	gta cac cga ctt	52404
Lys	His Thr Arg Pro Val	Cys Ala His Thr Thr	Val His Arg Leu	
8420	8425	8430		
aga	caa cgc atg ccg cga	ttt gga caa gcc acc	cgt caa cct att	52449
Arg	Gln Arg Met Pro Arg	Phe Gly Gln Ala Thr	Arg Gln Pro Ile	
8435	8440	8445		
ggg	gtg ttt gga aca atg	aac agc caa tat agc	gac tgc gat cct	52494
Gly	Val Phe Gly Thr Met	Asn Ser Gln Tyr Ser	Asp Cys Asp Pro	
8450	8455	8460		
cta	gga aac tat gct cca	tat tta atc ctt cga	aaa ccc ggg gat	52539

Leu	Gly	Asn	Tyr	Ala	Pro	Tyr	Leu	Ile	Leu	Arg	Lys	Pro	Gly	Asp	
8465				8470					8475						
caa	acg	gaa	gca	gca	aag	gca	acc	atg	cag	gac	act	tat	agg	gct	52584
Gln	Thr	Glu	Ala	Ala	Lys	Ala	Thr	Met	Gln	Asp	Thr	Tyr	Arg	Ala	
8480				8485					8490						
aca	cta	gaa	cgc	ttg	ttt	atc	gat	cta	gaa	caa	gag	cga	cta	ctg	52629
Thr	Leu	Glu	Arg	Leu	Phe	Ile	Asp	Leu	Glu	Gln	Glu	Arg	Leu	Leu	
8495				8500					8505						
gat	cgc	ggt	gcc	cca	tgt	tct	tcc	gag	gga	cta	tcg	tct	gtc	att	52674
Asp	Arg	Gly	Ala	Pro	Cys	Ser	Ser	Glu	Gly	Leu	Ser	Ser	Val	Ile	
8510				8515					8520						
gtg	gat	cat	cca	acg	ttt	cgt	cgc	ata	tta	gac	aca	ctg	cgt	gcg	52719
Val	Asp	His	Pro	Thr	Phe	Arg	Arg	Ile	Leu	Asp	Thr	Leu	Arg	Ala	
8525				8530					8535						
cgt	ata	gaa	cag	aca	aca	aca	caa	ttt	atg	aaa	gtg	ttg	gtt	gag	52764
Arg	Ile	Glu	Gln	Thr	Thr	Thr	Gln	Phe	Met	Lys	Val	Leu	Val	Glu	
8540				8545					8550						
acc	cgc	gat	tat	aag	atc	cgt	gaa	gga	tta	tcc	gaa	gcc	acc	cat	52809
Thr	Arg	Asp	Tyr	Lys	Ile	Arg	Glu	Gly	Leu	Ser	Glu	Ala	Thr	His	
8555				8560					8565						
tca	atg	gcg	tta	acg	ttt	gat	cca	tac	tca	gga	gca	ttt	tgt	ccc	52854
Ser	Met	Ala	Leu	Thr	Phe	Asp	Pro	Tyr	Ser	Gly	Ala	Phe	Cys	Pro	
8570				8575					8580						
att	acc	aat	ttt	tta	gtt	aaa	cga	aca	cac	cta	gcc	gtg	gta	caa	52899
Ile	Thr	Asn	Phe	Leu	Val	Lys	Arg	Thr	His	Leu	Ala	Val	Val	Gln	
8585				8590					8595						
gac	tta	gca	tta	agc	caa	tgt	cat	tgt	gta	ttt	tac	gga	cag	caa	52944
Asp	Leu	Ala	Leu	Ser	Gln	Cys	His	Cys	Val	Phe	Tyr	Gly	Gln	Gln	
8600				8605					8610						
gtt	gag	ggg	cgg	aac	ttt	cgt	aac	caa	ttc	caa	cct	gtt	ttg	cgg	52989
Val	Glu	Gly	Arg	Asn	Phe	Arg	Asn	Gln	Phe	Gln	Pro	Val	Leu	Arg	
8615				8620					8625						
cgg	cgt	ttt	gtt	gac	ctg	ttt	aat	ggg	ggg	ttt	ata	tca	aca	cgc	53034
Arg	Arg	Phe	Val	Asp	Leu	Phe	Asn	Gly	Gly	Phe	Ile	Ser	Thr	Arg	
8630				8635					8640						
tct	ata	acc	gta	aca	tta	tct	gaa	ggt	cct	gta	tcc	gcc	cca	aat	53079
Ser	Ile	Thr	Val	Thr	Leu	Ser	Glu	Gly	Pro	Val	Ser	Ala	Pro	Asn	
8645				8650					8655						

ccg	aca ttg gga caa gac	gcg ccc gcg ggg cgt	acc ttt gat ggg	53124
Pro	Thr Leu Gly Gln Asp	Ala Pro Ala Gly Arg	Thr Phe Asp Gly	
8660	8665	8670		
gat	tta gcg cgc gta agc	gtg gaa gtt att cgg	gat ata cga gtt	53169
Asp	Leu Ala Arg Val Ser	Val Glu Val Ile Arg	Asp Ile Arg Val	
8675	8680	8685		
aaa	aat agg gtc gtt ttt	tca ggt aac tgt aca	aat ctc tct gag	53214
Lys	Asn Arg Val Val Phe	Ser Gly Asn Cys Thr	Asn Leu Ser Glu	
8690	8695	8700		
gca	gcc cgg gca agg ctt	gta ggc ctt gca agt	gcg tac caa cgc	53259
Ala	Ala Arg Ala Arg Leu	Val Gly Leu Ala Ser	Ala Tyr Gln Arg	
8705	8710	8715		
caa	gaa aaa aga gtg gat	atg tta cac ggg gcc	cta ggg ttt ttg	53304
Gln	Glu Lys Arg Val Asp	Met Leu His Gly Ala	Leu Gly Phe Leu	
8720	8725	8730		
ctt	aaa cag ttt cac ggc	ctg tta ttt cct cgg	ggt atg cca cca	53349
Leu	Lys Gln Phe His Gly	Leu Leu Phe Pro Arg	Gly Met Pro Pro	
8735	8740	8745		
aac	agt aaa tcc ccc aac	ccg cag tgg ttt tgg	acc ctg tta caa	53394
Asn	Ser Lys Ser Pro Asn	Pro Gln Trp Phe Trp	Thr Leu Leu Gln	
8750	8755	8760		
cgc	aac cag atg ccg gca	gat aaa ctt aca cac	gaa gag att acc	53439
Arg	Asn Gln Met Pro Ala	Asp Lys Leu Thr His	Glu Glu Ile Thr	
8765	8770	8775		
act	att gca gct gtt aaa	cggttt acc gag gaa	tat gca gca ata	53484
Thr	Ile Ala Ala Val Lys	Arg Phe Thr Glu Glu	Tyr Ala Ala Ile	
8780	8785	8790		
aac	ttt att aat cta ccc	cca acc tgc ata gga	gaa tta gcc cag	53529
Asn	Phe Ile Asn Leu Pro	Pro Thr Cys Ile Gly	Glu Leu Ala Gln	
8795	8800	8805		
ttt	tat atg gca aat ctt	att ctt aaa tac tgc	gat cat tca cag	53574
Phe	Tyr Met Ala Asn Leu	Ile Leu Lys Tyr Cys	Asp His Ser Gln	
8810	8815	8820		
tac	ctt ata aat acc tta	act tct ata att acg	ggt gcc agg cgc	53619
Tyr	Leu Ile Asn Thr Leu	Thr Ser Ile Ile Thr	Gly Ala Arg Arg	
8825	8830	8835		
ccg	cgt gac cca tca tcc	gtt ttg cat tgg att	cgt aaa gat gtc	53664

Pro	Arg	Asp	Pro	Ser	Ser	Val	Leu	His	Trp	Ile	Arg	Lys	Asp	Val	
8840				8845					8850						
acg	tcc	gcc	gcg	gac	ata	gaa	acc	caa	gca	aag	gcg	ctt	ctt	gaa	53709
Thr	Ser	Ala	Ala	Asp	Ile	Glu	Thr	Gln	Ala	Lys	Ala	Leu	Leu	Glu	
8855					8860					8865					
aaa	acg	gaa	aac	tta	ccg	gaa	tta	tgg	act	acg	gct	ttt	act	tca	53754
Lys	Thr	Glu	Asn	Leu	Pro	Glu	Leu	Trp	Thr	Thr	Ala	Phe	Thr	Ser	
8870					8875					8880					
act	cat	tta	gtc	cgc	gcg	gcc	atg	aat	caa	cgt	ccc	atg	gtc	gtt	53799
Thr	His	Leu	Val	Arg	Ala	Ala	Met	Asn	Gln	Arg	Pro	Met	Val	Val	
8885					8890					8895					
tta	gga	ata	agc	att	agt	aaa	tat	cac	gga	gcg	gca	gga	aac	aac	53844
Leu	Gly	Ile	Ser	Ile	Ser	Lys	Tyr	His	Gly	Ala	Ala	Gly	Asn	Asn	
8900					8905					8910					
cgc	gtc	ttt	cag	gca	ggg	aat	tgg	agc	ggt	tta	aac	ggg	ggt	aaa	53889
Arg	Val	Phe	Gln	Ala	Gly	Asn	Trp	Ser	Gly	Leu	Asn	Gly	Gly	Lys	
8915					8920					8925					
aat	gta	tgc	ccg	cta	ttt	aca	ttt	gat	cgc	act	cgc	cgt	ttt	ata	53934
Asn	Val	Cys	Pro	Leu	Phe	Thr	Phe	Asp	Arg	Thr	Arg	Arg	Phe	Ile	
8930					8935					8940					
ata	gca	tgt	cct	aga	gga	ggt	ttt	atc	tgc	ccc	gta	aca	ggt	ccc	53979
Ile	Ala	Cys	Pro	Arg	Gly	Gly	Phe	Ile	Cys	Pro	Val	Thr	Gly	Pro	
8945					8950					8955					
tcg	tcg	gga	aat	cga	gaa	acc	acc	cta	tcc	gac	caa	gtt	cgc	ggt	54024
Ser	Ser	Gly	Asn	Arg	Glu	Thr	Thr	Leu	Ser	Asp	Gln	Val	Arg	Gly	
8960					8965					8970					
ata	att	gtc	agt	ggc	ggg	gcc	atg	gtt	caa	tta	gcc	ata	tac	gcc	54069
Ile	Ile	Val	Ser	Gly	Gly	Ala	Met	Val	Gln	Leu	Ala	Ile	Tyr	Ala	
8975					8980					8985					
acg	gtt	gtg	cgt	gca	gtg	ggc	gct	cga	gca	caa	cat	atg	gca	ttt	54114
Thr	Val	Val	Arg	Ala	Val	Gly	Ala	Arg	Ala	Gln	His	Met	Ala	Phe	
8990					8995					9000					
gac	gac	tgg	tta	agt	ctt	aca	gac	gat	gag	ttt	tta	gcc	aga	gac	54159
Asp	Asp	Trp	Leu	Ser	Leu	Thr	Asp	Asp	Glu	Phe	Leu	Ala	Arg	Asp	
9005					9010					9015					
ttg	gag	gag	tta	cac	gac	cag	att	atc	caa	acc	ctg	gaa	acg	ccc	54204
Leu	Glu	Glu	Leu	His	Asp	Gln	Ile	Ile	Gln	Thr	Leu	Glu	Thr	Pro	
9020					9025					9030					

tgg	acc	gta	gaa	ggc	gct	cta	gaa	gca	gta	aag	att	cta	gat	gaa	54249	
Trp	Thr	Val	Glu	Gly	Ala	Leu	Glu	Ala	Val	Lys	Ile	Leu	Asp	Glu		
9035					9040					9045						
aaa	acg	aca	gcg	gga	gat	ggg	gaa	acc	ccc	aca	aac	cta	gca	ttt	54294	
Lys	Thr	Thr	Ala	Gly	Asp	Gly	Glu	Thr	Pro	Thr	Asn	Leu	Ala	Phe		
9050					9055					9060						
aat	ttt	gat	tct	tgt	gaa	cca	agc	cat	gac	acc	aca	tct	aac	gta	54339	
Asn	Phe	Asp	Ser	Cys	Glu	Pro	Ser	His	Asp	Thr	Thr	Ser	Asn	Val		
9065					9070					9075						
tta	aac	att	tca	ggg	tca	aac	att	tca	ggg	tca	act	gtc	cct	ggt	54384	
Leu	Asn	Ile	Ser	Gly	Ser	Asn	Ile	Ser	Gly	Ser	Thr	Val	Pro	Gly		
9080					9085					9090						
ctt	aaa	cga	ccc	ccc	gaa	gat	gac	gaa	ctc	ttt	gat	ctt	agt	ggt	54429	
Leu	Lys	Arg	Pro	Pro	Glu	Asp	Asp	Glu	Leu	Phe	Asp	Leu	Ser	Gly		
9095					9100					9105						
att	ccc	ata	aaa	cat	ggg	aac	att	aca	atg	gaa	atg	att	taa		54471	
Ile	Pro	Ile	Lys	His	Gly	Asn	Ile	Thr	Met	Glu	Met	Ile				
9110					9115					9120						
cctccctctt	tatccaatta	aagcccacac	gcgggtgagt	gtacgtata	aacaagtcaa	54531										
tattacatat	tctgttgt	tttctttttt	tgtgtgttagt	ccttacccat	atgaccgtta	54591										
atatagtgt	tctccaaacca	ttcagcttac	agtccagtgg	acagtaacag	cccgataaac	54650										
atg	gaa	ttg	gat	att	aat	cga	aca	ttg	ttg	gtt	cta	ctg	ggt	caa	54695	
Met	Glu	Leu	Asp	Ile	Asn	Arg	Thr	Leu	Leu	Val	Leu	Leu	Gly	Gln		
9125					9130						9135					
gtt	tat	acg	tac	atc	ttt	cag	gtt	gaa	ctg	cta	cgt	cga	tgt	gat	54740	
Val	Tyr	Thr	Tyr	Ile	Phe	Gln	Val	Glu	Leu	Leu	Arg	Arg	Cys	Asp		
9140					9145						9150					
cca	agg	gtg	gcg	tgt	cgc	ttt	tta	tat	cgg	tta	gcg	gct	aac	tgt	54785	
Pro	Arg	Val	Ala	Cys	Arg	Phe	Leu	Tyr	Arg	Leu	Ala	Ala	Asn	Cys		
9155					9160						9165					
ttg	aca	gtt	cgt	tat	tta	tta	aag	ctg	ttt	ctc	cgg	gga	ttt	aat	54830	
Leu	Thr	Val	Arg	Tyr	Leu	Leu	Lys	Leu	Phe	Leu	Arg	Gly	Phe	Asn		
9170					9175						9180					
acc	cag	cta	aaa	ttt	gga	aac	act	ccc	acg	gtt	tgt	gca	ctg	cat	54875	
Thr	Gln	Leu	Lys	Phe	Gly	Asn	Thr	Pro	Thr	Val	Cys	Ala	Leu	His		
9185					9190						9195					

tgg gca tta	tgt tat gta aag gga	gaa ggt gag cgt ttg	ttt gag	54920
Trp Ala Leu	Cys Tyr Val Lys Gly	Glu Gly Glu Arg Leu	Phe Glu	
9200	9205	9210		
ttg cta caa	cat ttt aaa acg cgt	ttt gtt tat ggt gag	act aaa	54965
Leu Leu Gln	His Phe Lys Thr Arg	Phe Val Tyr Gly Glu	Thr Lys	
9215	9220	9225		
gac tca aac	tgt atc aaa gat tac	ttt gtc tca gcg ttt	aac tta	55010
Asp Ser Asn	Cys Ile Lys Asp Tyr	Phe Val Ser Ala Phe	Asn Leu	
9230	9235	9240		
aaa acc tgc	caa tat cac cat gag	ctg tcg tta aca aca	tac gga	55055
Lys Thr Cys	Gln Tyr His His Glu	Leu Ser Leu Thr Thr	Tyr Gly	
9245	9250	9255		
ggt tac gta	tcg agt gaa att cag	ttt tta cac gac att	gag aat	55100
Gly Tyr Val	Ser Ser Glu Ile Gln	Phe Leu His Asp Ile	Glu Asn	
9260	9265	9270		
ttt tta aaa	cag ctt aat tac tgc	tat att atc acg tct	tct cgt	55145
Phe Leu Lys	Gln Leu Asn Tyr Cys	Tyr Ile Ile Thr Ser	Ser Arg	
9275	9280	9285		
gag gcg cta	aac aca ttg gaa acc	gtg acg cggtt atg	aca gat	55190
Glu Ala Leu	Asn Thr Leu Glu Thr	Val Thr Arg Phe Met	Thr Asp	
9290	9295	9300		
act ata gga	agc ggt cta ata cca	ccc gtg gag ttg ttt	gat ccg	55235
Thr Ile Gly	Ser Gly Leu Ile Pro	Pro Val Glu Leu Phe	Asp Pro	
9305	9310	9315		
gcg cat cca	tgt gct ata tgt ttt	gaa gaa tta tgt ata	aca gct	55280
Ala His Pro	Cys Ala Ile Cys Phe	Glu Glu Leu Cys Ile	Thr Ala	
9320	9325	9330		
aac caa ggt	gag acc tta cat cgt	aga tta tta gga tgt	atc tgc	55325
Asn Gln Gly	Glu Thr Leu His Arg	Arg Leu Leu Gly Cys	Ile Cys	
9335	9340	9345		
gat cac gtt	act aag caa gtt cggtt	aac gtg gat gtt	gac gat	55370
Asp His Val	Thr Lys Gln Val Arg	Val Asn Val Asp Val	Asp Asp	
9350	9355	9360		
att att cgg	tgt tta cca tat atc	cct gat gta ccg gat	atc aaa	55415
Ile Ile Arg	Cys Leu Pro Tyr Ile	Pro Asp Val Pro Asp	Ile Lys	
9365	9370	9375		
cgt caa tcc	gcc gtt gaa gcg tta	cga aca ctt caa acc	aag acg	55460

Arg Gln Ser	Ala Val Glu Ala Leu	Arg Thr Leu Gln Thr	Lys Thr	
9380	9385	9390		
gta gtc aat ccc atg gga gca aag	aac gat acg ttt gac	caa aca	55505	
Val Val Asn Pro Met Gly Ala Lys	Asn Asp Thr Phe Asp	Gln Thr		
9395	9400	9405		
tac gaa att gcg agc acc atg ctt	gat tct tat aat gtt	ttt aaa	55550	
Tyr Glu Ile Ala Ser Thr Met Leu	Asp Ser Tyr Asn Val	Phe Lys		
9410	9415	9420		
cct gcc cct cgg tgt atg tac gcc	atc agc gag ctt aaa	ttc tgg	55595	
Pro Ala Pro Arg Cys Met Tyr Ala	Ile Ser Glu Leu Lys	Phe Trp		
9425	9430	9435		
tta acg tct aat tcc act gaa gga	ccc caa cgt act tta	gac gtg	55640	
Leu Thr Ser Asn Ser Thr Glu Gly	Pro Gln Arg Thr Leu	Asp Val		
9440	9445	9450		
ttt gtt gat aat ttg gat gta tta	aac gaa cat gaa aaa	cac gca	55685	
Phe Val Asp Asn Leu Asp Val Leu	Asn Glu His Glu Lys	His Ala		
9455	9460	9465		
gaa ctt aca gcc gta acg gtt gag	ttg gcg tta ttt gga	aaa act	55730	
Glu Leu Thr Ala Val Thr Val Glu	Leu Ala Leu Phe Gly	Lys Thr		
9470	9475	9480		
ccc ata cac ttt gat agg gcg ttt	tct gaa gaa ctc gga	tct ctg	55775	
Pro Ile His Phe Asp Arg Ala Phe	Ser Glu Glu Leu Gly	Ser Leu		
9485	9490	9495		
gat gca att gat agt att ttg gtt	ggc aat cgc tca tcc	tca cca	55820	
Asp Ala Ile Asp Ser Ile Leu Val	Gly Asn Arg Ser Ser	Ser Pro		
9500	9505	9510		
gac agt cag ata gaa gca tta att	aaa gcc tgt tat gcc	cat cat	55865	
Asp Ser Gln Ile Glu Ala Leu Ile	Lys Ala Cys Tyr Ala	His His		
9515	9520	9525		
cta tcg tcg cct ctc atg cgt cac	att tct aac ccg agt	cat gat	55910	
Leu Ser Ser Pro Leu Met Arg His	Ile Ser Asn Pro Ser	His Asp		
9530	9535	9540		
aac gaa gcc gcc tta cgc caa ctt	tta gaa aga gtt ggg	tgt gag	55955	
Asn Glu Ala Ala Leu Arg Gln Leu	Leu Glu Arg Val Gly	Cys Glu		
9545	9550	9555		
gat gat tta acc aaa gag gcg agt	gac agc gct aca gca	tcc gaa	56000	
Asp Asp Leu Thr Lys Glu Ala Ser	Asp Ser Ala Thr Ala	Ser Glu		
9560	9565	9570		

tgt gat ctg aac gat gat agt agc ata act ttt gct gtt cat gga		56045
Cys Asp Leu Asn Asp Asp Ser Ser Ile Thr Phe Ala Val His Gly		
9575 9580 9585		
tgg gaa aac ctg tta tcc aaa gca aaa att gac gct gcg gaa aga		56090
Trp Glu Asn Leu Leu Ser Lys Ala Lys Ile Asp Ala Ala Glu Arg		
9590 9595 9600		
aaa cga gta tat ctt gaa cat ctg tct aag cgc tct cta acc agc		56135
Lys Arg Val Tyr Leu Glu His Leu Ser Lys Arg Ser Leu Thr Ser		
9605 9610 9615		
ctc ggt aga tgt atc cgc gaa cag cgc caa gag cta gaa aaa aca		56180
Leu Gly Arg Cys Ile Arg Glu Gln Arg Gln Glu Leu Glu Lys Thr		
9620 9625 9630		
ctc agg gta aac gtt tat gga gag gcc tta ttg cag aca ttt gtt		56225
Leu Arg Val Asn Val Tyr Gly Glu Ala Leu Leu Gln Thr Phe Val		
9635 9640 9645		
tcg atg caa aat ggg ttt ggg gca cga aac gtg ttt tta gct aag		56270
Ser Met Gln Asn Gly Phe Gly Ala Arg Asn Val Phe Leu Ala Lys		
9650 9655 9660		
gtt tcc cag gca ggg tgt att atc gac aat cgc att cag gaa gcg		56315
Val Ser Gln Ala Gly Cys Ile Ile Asp Asn Arg Ile Gln Glu Ala		
9665 9670 9675		
gcc ttt gat gca cat aga ttt ata agg aat acc tta gtt cga cat		56360
Ala Phe Asp Ala His Arg Phe Ile Arg Asn Thr Leu Val Arg His		
9680 9685 9690		
aca gta gat gcg gct atg tta cct gca ctt aca cat aaa ttt ttt		56405
Thr Val Asp Ala Ala Met Leu Pro Ala Leu Thr His Lys Phe Phe		
9695 9700 9705		
gag ttg gtc aac ggc cca ttg ttt aat cac gat gaa cac cgt ttt		56450
Glu Leu Val Asn Gly Pro Leu Phe Asn His Asp Glu His Arg Phe		
9710 9715 9720		
gca caa ccc cct aac acc gcc tta ttt ttt acc gtg gaa aac gtt		56495
Ala Gln Pro Pro Asn Thr Ala Leu Phe Phe Thr Val Glu Asn Val		
9725 9730 9735		
ggc cta ttt ccg cac tta aaa gag gaa ttg gca aag ttt atg ggc		56540
Gly Leu Phe Pro His Leu Lys Glu Glu Leu Ala Lys Phe Met Gly		
9740 9745 9750		
ggt gtc gtt ggt tcc aac tgg ctt ctc agt cca ttt agg ggc ttt		56585

Gly Val Val	Gly Ser Asn Trp Leu	Leu Ser Pro Phe Arg	Gly Phe	
9755	9760	9765		
tat tgc ttt	tct ggg gta gaa ggc	gtt act ttt gca cag	aga ctt	56630
Tyr Cys Phe	Ser Gly Val Glu Gly	Val Thr Phe Ala Gln	Arg Leu	
9770	9775	9780		
gcc tgg aaa	tat att agg gag ctt	gtg ttt gca acc aca	cta ttc	56675
Ala Trp Lys	Tyr Ile Arg Glu Leu	Val Phe Ala Thr Thr	Leu Phe	
9785	9790	9795		
acc tct gtt	ttc cat tgt ggg gag	gtg cgg tta tgt cgc	gtt gac	56720
Thr Ser Val	Phe His Cys Gly Glu	Val Arg Leu Cys Arg	Val Asp	
9800	9805	9810		
cgt cta ggt	aag gat cca cgc ggg	tgc acg tctcaa cct	aaa ggt	56765
Arg Leu Gly	Lys Asp Pro Arg Gly	Cys Thr Ser Gln Pro	Lys Gly	
9815	9820	9825		
ata ggc agt	tcc cac gga ccc tta	gac ggc att tat tta	acg tac	56810
Ile Gly Ser	Ser His Gly Pro Leu	Asp Gly Ile Tyr Leu	Thr Tyr	
9830	9835	9840		
gaa gaa aca	tgt ccc ctt gtg gct	att att caa agt gga	gaa aca	56855
Glu Glu Thr	Cys Pro Leu Val Ala	Ile Ile Gln Ser Gly	Glu Thr	
9845	9850	9855		
ggg atc gac	cag aat acc gtc gta	atc tac gat tca gac	gtt ttt	56900
Gly Ile Asp	Gln Asn Thr Val Val	Ile Tyr Asp Ser Asp	Val Phe	
9860	9865	9870		
tct ctt cta	tac acc cta atg cag	cgg ctg gct ccg gat	tca acg	56945
Ser Leu Leu	Tyr Thr Leu Met Gln	Arg Leu Ala Pro Asp	Ser Thr	
9875	9880	9885		
gac ccg gcg	ttt tca taa cctccgttac	gggggtgtgg ttatgctttt		56993
Asp Pro Ala	Phe Ser			
9890				
tatgcatttttctat	atg ttt gtt acg gcg gtt gtg tcg	gtc tct cca agc		57043
Met Phe Val	Thr Ala Val Val Ser	Val Ser Pro Ser		
9895	9900			
tcg ttt tat gag agt tta	caa gta gag ccc aca	caa tca gaa gat		57088
Ser Phe Tyr	Glu Ser Leu	Gln Val Glu Pro Thr	Gln Ser Glu Asp	
9905	9910	9915		
ata acc cgg tct gct cat	ctg ggc gat ggt gat	gaa atc aga gaa		57133
Ile Thr Arg Ser Ala His	Leu Gly Asp Gly Asp	Glu Ile Arg Glu		
9920	9925	9930		

gct	ata cac aag tcc cag	gac gcc gaa aca aaa	ccc acg ttt tac	57178
Ala	Ile His Lys Ser Gln	Asp Ala Glu Thr Lys	Pro Thr Phe Tyr	
9935	9940	9945		
gtc	tgc cca ccg cca aca	ggc tcc aca atc gta	cga tta gaa cca	57223
Val	Cys Pro Pro Pro Thr	Gly Ser Thr Ile Val	Arg Leu Glu Pro	
9950	9955	9960		
act	cgg aca tgt ccg gat	tat cac ctt ggt aaa	aac ttt aca gag	57268
Thr	Arg Thr Cys Pro Asp	Tyr His Leu Gly Lys	Asn Phe Thr Glu	
9965	9970	9975		
ggt	att gct gtt gtt tat	aaa gaa aac att gca	gcg tac aag ttt	57313
Gly	Ile Ala Val Val Tyr	Lys Glu Asn Ile Ala	Ala Tyr Lys Phe	
9980	9985	9990		
aag	gcg acg gta tat tac	aaa gat gtt atc gtt	agc acg gcg tgg	57358
Lys	Ala Thr Val Tyr Tyr	Lys Asp Val Ile Val	Ser Thr Ala Trp	
9995	10000	10005		
gcc	gga agt tct tat acg	caa att act aat aga	tat gcg gat agg	57403
Ala	Gly Ser Ser Tyr Thr	Gln Ile Thr Asn Arg	Tyr Ala Asp Arg	
10010	10015	10020		
gta	cca att ccc gtt tca	gag atc acg gac acc	att gat aag ttt	57448
Val	Pro Ile Pro Val Ser	Glu Ile Thr Asp Thr	Ile Asp Lys Phe	
10025	10030	10035		
ggc	aag tgt tct tct aaa	gca acg tac gta cga	aat aac cac aaa	57493
Gly	Lys Cys Ser Ser Lys	Ala Thr Tyr Val Arg	Asn Asn His Lys	
10040	10045	10050		
gtt	gaa gcc ttt aat gag	gat aaa aat cca cag	gat atg cct cta	57538
Val	Glu Ala Phe Asn Glu	Asp Lys Asn Pro Gln	Asp Met Pro Leu	
10055	10060	10065		
atc	gca tca aaa tat aat	tct gtg gga tcc aaa	gca tgg cat act	57583
Ile	Ala Ser Lys Tyr Asn	Ser Val Gly Ser Lys	Ala Trp His Thr	
10070	10075	10080		
acc	aat gac acg tac atg	gtt gcc gga acc ccc	gga aca tat agg	57628
Thr	Asn Asp Thr Tyr Met	Val Ala Gly Thr Pro	Gly Thr Tyr Arg	
10085	10090	10095		
acg	ggc acg tcg gtg aat	tgc atc att gag gaa	gtt gaa gcc aga	57673
Thr	Gly Thr Ser Val Asn	Cys Ile Ile Glu Glu	Val Glu Ala Arg	
10100	10105	10110		
tca	ata ttc cct tat gat	agt ttt gga ctt tcc	acg gga gat ata	57718

Ser	Ile	Phe	Pro	Tyr	Asp	Ser	Phe	Gly	Leu	Ser	Thr	Gly	Asp	Ile	
10115						10120				10125					
ata	tac	atg	tcc	ccg	ttt	ttt	ggc	cta	cg	gat	ggt	gca	tac	aga	57763
Ile	Tyr	Met	Ser	Pro	Phe	Phe	Gly	Leu	Arg	Asp	Gly	Ala	Tyr	Arg	
10130						10135				10140					
gaa	cat	tcc	aat	tat	gca	atg	gat	cgt	ttt	cac	cag	ttt	gag	ggt	57808
Glu	His	Ser	Asn	Tyr	Ala	Met	Asp	Arg	Phe	His	Gln	Phe	Glu	Gly	
10145						10150				10155					
tat	aga	caa	agg	gat	ctt	gac	act	aga	gca	tta	ctg	gaa	cct	gca	57853
Tyr	Arg	Gln	Arg	Asp	Leu	Asp	Thr	Arg	Ala	Leu	Leu	Glu	Pro	Ala	
10160						10165				10170					
gcg	cgg	aac	ttt	tta	gtc	acg	cct	cat	tta	acg	gtt	ggt	tgg	aac	57898
Ala	Arg	Asn	Phe	Leu	Val	Thr	Pro	His	Leu	Thr	Val	Gly	Trp	Asn	
10175						10180				10185					
tgg	aag	cca	aaa	cga	acg	gaa	gtt	tgt	tcg	ctt	gtc	aag	tgg	cgt	57943
Trp	Lys	Pro	Lys	Arg	Thr	Glu	Val	Cys	Ser	Leu	Val	Lys	Trp	Arg	
10190						10195				10200					
gag	gtt	gaa	gac	gta	gtt	cgc	gat	gag	tat	gca	cac	aat	ttt	cgc	57988
Glu	Val	Glu	Asp	Val	Val	Arg	Asp	Glu	Tyr	Ala	His	Asn	Phe	Arg	
10205						10210				10215					
ttt	aca	atg	aaa	aca	ctt	tct	acc	acg	ttt	ata	agt	gaa	aca	aac	58033
Phe	Thr	Met	Lys	Thr	Leu	Ser	Thr	Thr	Phe	Ile	Ser	Glu	Thr	Asn	
10220						10225				10230					
gag	ttt	aat	ctt	aac	caa	atc	cat	ctc	agt	caa	tgt	gta	aag	gag	58078
Glu	Phe	Asn	Leu	Asn	Gln	Ile	His	Leu	Ser	Gln	Cys	Val	Lys	Glu	
10235						10240				10245					
gaa	gcc	cgg	gct	att	att	aac	cgg	atc	tat	aca	acc	aga	tac	aac	58123
Glu	Ala	Arg	Ala	Ile	Ile	Asn	Arg	Ile	Tyr	Thr	Thr	Arg	Tyr	Asn	
10250						10255				10260					
tca	tct	cat	gtt	aga	acc	ggg	gat	atc	cag	acc	tac	ctt	gcc	aga	58168
Ser	Ser	His	Val	Arg	Thr	Gly	Asp	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Ala	Arg	
10265						10270				10275					
ggg	ggg	ttt	gtt	gtg	gtg	ttt	caa	ccc	ctg	ctg	agc	aat	tcc	ctc	58213
Gly	Gly	Phe	Val	Val	Val	Phe	Gln	Pro	Leu	Leu	Ser	Asn	Ser	Leu	
10280						10285				10290					
gcc	cgt	ctc	tat	ctc	caa	gaa	ttg	gtc	cgt	gaa	aac	act	aat	cat	58258
Ala	Arg	Leu	Tyr	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Arg	Glu	Asn	Thr	Asn	His	
10295						10300				10305					

tca	cca caa aaa cac ccg	act cga aat acc aga	tcc cga cga agc	58303
Ser	Pro Gln Lys His Pro	Thr Arg Asn Thr Arg	Ser Arg Arg Ser	
10310	10315	10320		
gtg	cca gtt gag ttg cgt	gcc aat aga aca ata	aca acc acc tca	58348
Val	Pro Val Glu Leu Arg	Ala Asn Arg Thr Ile	Thr Thr Thr Ser	
10325	10330	10335		
tcg	gtg gaa ttt gct atg	ctc cag ttt aca tat	gac cac att caa	58393
Ser	Val Glu Phe Ala Met	Leu Gln Phe Thr Tyr	Asp His Ile Gln	
10340	10345	10350		
gag	cat gtt aat gaa atg	ttg gca cgt atc tcc	tcg tcg tgg tgc	58438
Glu	His Val Asn Glu Met	Leu Ala Arg Ile Ser	Ser Ser Trp Cys	
10355	10360	10365		
cag	cta caa aat cgc gaa	cgc gcc ctt tgg agc	gga cta ttt cca	58483
Gln	Leu Gln Asn Arg Glu	Arg Ala Leu Trp Ser	Gly Leu Phe Pro	
10370	10375	10380		
att	aac cca agt gct tta	gcg agc acc att ttg	gat caa cgt gtt	58528
Ile	Asn Pro Ser Ala Leu	Ala Ser Thr Ile Leu	Asp Gln Arg Val	
10385	10390	10395		
aaa	gct cgt att ctc ggc	gac gtt atc tcc gtt	tct aat tgt cca	58573
Lys	Ala Arg Ile Leu Gly	Asp Val Ile Ser Val	Ser Asn Cys Pro	
10400	10405	10410		
gaa	ctg gga tca gat aca	cgc att ata ctt caa	aac tct atg agg	58618
Glu	Leu Gly Ser Asp Thr	Arg Ile Ile Leu Gln	Asn Ser Met Arg	
10415	10420	10425		
gta	tct ggt agt act acg	cgt tgt tat agc cgt	cct tta att tca	58663
Val	Ser Gly Ser Thr Thr	Arg Cys Tyr Ser Arg	Pro Leu Ile Ser	
10430	10435	10440		
ata	gtt agt tta aat ggg	tcc ggg acg gtg gag	ggc cag ctt gga	58708
Ile	Val Ser Leu Asn Gly	Ser Gly Thr Val Glu	Gly Gln Leu Gly	
10445	10450	10455		
aca	gat aac gag tta att	atg tcc aga gat ctg	tta gaa cca tgc	58753
Thr	Asp Asn Glu Leu Ile	Met Ser Arg Asp Leu	Leu Glu Pro Cys	
10460	10465	10470		
gtg	gct aat cac aag cga	tat ttt cta ttt ggg	cat cac tac gta	58798
Val	Ala Asn His Lys Arg	Tyr Phe Leu Phe Gly	His His Tyr Val	
10475	10480	10485		
tat	tat gag gat tat cgt	tac gtc cgt gaa atc	gca gtc cat gat	58843

Tyr	Tyr	Glu	Asp	Tyr	Arg	Tyr	Val	Arg	Glu	Ile	Ala	Val	His	Asp	
10490				10495				10500							
gtg	gga	atg	att	agc	act	tac	gta	gat	tta	aac	tta	aca	ctt	ctt	58888
Val	Gly	Met	Ile	Ser	Thr	Tyr	Val	Asp	Leu	Asn	Leu	Thr	Leu	Leu	
10505				10510					10515						
aaa	gat	aga	gag	ttt	atg	ccg	ctg	caa	gta	tat	aca	aga	gac	gag	58933
Lys	Asp	Arg	Glu	Phe	Met	Pro	Leu	Gln	Val	Tyr	Thr	Arg	Asp	Glu	
10520				10525					10530						
ctg	cgg	gat	aca	gga	tta	cta	gac	tac	agt	gaa	att	caa	cgc	cga	58978
Leu	Arg	Asp	Thr	Gly	Leu	Leu	Asp	Tyr	Ser	Glu	Ile	Gln	Arg	Arg	
10535				10540					10545						
aat	caa	atg	cat	tcg	ctg	cgt	ttt	tat	gac	ata	gac	aag	gtt	gtg	59023
Asn	Gln	Met	His	Ser	Leu	Arg	Phe	Tyr	Asp	Ile	Asp	Lys	Val	Val	
10550				10555					10560						
caa	tat	gat	agc	gga	acg	gcc	att	atg	cag	ggc	atg	gct	cag	ttt	59068
Gln	Tyr	Asp	Ser	Gly	Thr	Ala	Ile	Met	Gln	Gly	Met	Ala	Gln	Phe	
10565				10570					10575						
ttc	cag	gga	ctt	ggg	acc	gcg	ggc	cag	gcc	gtt	gga	cat	gtg	gtt	59113
Phe	Gln	Gly	Leu	Gly	Thr	Ala	Gly	Gln	Ala	Val	Gly	His	Val	Val	
10580				10585					10590						
ctt	ggg	gcc	acg	gga	gcg	ctg	ctt	tcc	acc	gta	cac	gga	ttt	acc	59158
Leu	Gly	Ala	Thr	Gly	Ala	Leu	Leu	Ser	Thr	Val	His	Gly	Phe	Thr	
10595				10600					10605						
acg	ttt	tta	tct	aac	cca	ttt	ggg	gca	ttg	gcc	gtg	gga	tta	ttg	59203
Thr	Phe	Leu	Ser	Asn	Pro	Phe	Gly	Ala	Leu	Ala	Val	Gly	Leu	Leu	
10610				10615					10620						
gtt	ttg	gcf	gga	ctg	gta	gcf	gcc	ttt	ttt	gcf	tac	cgf	tac	gtg	59248
Val	Leu	Ala	Gly	Leu	Val	Ala	Ala	Phe	Phe	Ala	Tyr	Arg	Tyr	Val	
10625				10630					10635						
ctt	aaa	ctt	aaa	aca	agc	ccg	atg	aag	gca	tta	tat	cca	ctc	aca	59293
Leu	Lys	Leu	Lys	Thr	Ser	Pro	Met	Lys	Ala	Leu	Tyr	Pro	Leu	Thr	
10640				10645					10650						
acc	aag	ggg	tta	aaa	cag	tta	ccg	gaa	gga	atg	gat	ccc	ttt	gcc	59338
Thr	Lys	Gly	Leu	Lys	Gln	Leu	Pro	Glu	Gly	Met	Asp	Pro	Phe	Ala	
10655				10660					10665						
gag	aaa	ccc	aac	gct	act	gat	acc	cca	ata	gaa	gaa	att	ggc	gac	59383
Glu	Lys	Pro	Asn	Ala	Thr	Asp	Thr	Pro	Ile	Glu	Glu	Ile	Gly	Asp	
10670				10675					10680						

tca	caa aac act gaa ccg	tcg gta aat agc ggg	ttt gat ccc gat	59428
Ser	Gln Asn Thr Glu Pro	Ser Val Asn Ser Gly	Phe Asp Pro Asp	
10685	10690	10695		
aaa	ttt cga gaa gcc cag	gaa atg att aaa tat	atg acg tta gta	59473
Lys	Phe Arg Glu Ala Gln	Glu Met Ile Lys Tyr	Met Thr Leu Val	
10700	10705	10710		
tct	gcg gct gag cgc caa	gaa tct aaa gcc cgc	aaa aaa aat aag	59518
Ser	Ala Ala Glu Arg Gln	Glu Ser Lys Ala Arg	Lys Lys Asn Lys	
10715	10720	10725		
act	agc gcc ctt tta act	tca cgt ctt acc ggc	ctt gct tta cga	59563
Thr	Ser Ala Leu Leu Thr	Ser Arg Leu Thr Gly	Leu Ala Leu Arg	
10730	10735	10740		
aat	cgc cga gga tac tcc	cgt gtt cgc acc gag	aat gta acg ggg	59608
Asn	Arg Arg Gly Tyr Ser	Arg Val Arg Thr Glu	Asn Val Thr Gly	
10745	10750	10755		
gtg	taa atagccaggg ggtttgttt aatttattaa taaaaatgtg tattacgtt			59664
Val				
10760				
ctcatgtgtc	tccattacgc atcacagggg gtatttatac ccgataatat acaaaacg	cgt	59724	
ttttgtacct	ctaccgcacc cgatatctta acggggttat t atg gaa tcg tct		59777	
		Met Glu Ser Ser		
aac	att aac gcg cta caa	caa ccg tcg tct atc	gca cat cat ccg	59822
Asn	Ile Asn Ala Leu Gln	Gln Pro Ser Ser Ile	Ala His His Pro	
10765	10770	10775		
tcc	aaa cag tgc gct tca	agt ctc aat gaa aca	gta aaa gat tct	59867
Ser	Lys Gln Cys Ala Ser	Ser Leu Asn Glu Thr	Val Lys Asp Ser	
10780	10785	10790		
ccc	ccc gcg att tat gaa	gat agg tta gaa cac	acg ccg gta caa	59912
Pro	Pro Ala Ile Tyr Glu	Asp Arg Leu Glu His	Thr Pro Val Gln	
10795	10800	10805		
tta	ccc cgc gac ggt aca	ccc cga gac gta tgt	tct gtg gga cag	59957
Leu	Pro Arg Asp Gly Thr	Pro Arg Asp Val Cys	Ser Val Gly Gln	
10810	10815	10820		
cta	acc tgt cga gca tgt	gca acg aaa cct ttt	cgc ctt aac cgc	60002
Leu	Thr Cys Arg Ala Cys	Ala Thr Lys Pro Phe	Arg Leu Asn Arg	
10825	10830	10835		

gac	agc	caa	tac	gac	tac	tta	aac	aca	tgt	cca	ggg	ggc	cgt	cat	60047
Asp	Ser	Gln	Tyr	Asp	Tyr	Leu	Asn	Thr	Cys	Pro	Gly	Gly	Arg	His	
10840						10845				10850					
att	tca	ctg	gca	ctg	gag	att	ata	acg	ggt	cga	tgg	gtt	tgc	atc	60092
Ile	Ser	Leu	Ala	Leu	Glu	Ile	Ile	Thr	Gly	Arg	Trp	Val	Cys	Ile	
10855						10860				10865					
ccg	cgt	gtg	ttt	ccg	gat	acc	cca	gag	gaa	aaa	tgg	atg	gcg	cca	60137
Pro	Arg	Val	Phe	Pro	Asp	Thr	Pro	Glu	Glu	Lys	Trp	Met	Ala	Pro	
10870						10875				10880					
tat	att	att	cca	gac	cga	gaa	caa	cca	tca	tca	ggg	gat	gaa	gat	60182
Tyr	Ile	Ile	Pro	Asp	Arg	Glu	Gln	Pro	Ser	Ser	Gly	Asp	Glu	Asp	
10885						10890				10895					
tct	gac	acc	gat	taa	atttaactta	aataaaacct	taccacccat	aaaaacgcct							60237
Ser	Asp	Thr	Asp												
10900															
tctgtttgtt	taacacgaca	ccgcttaaca	aaaaaaaaaa	aaccaaacac	gcctttatg										60297
aatgttaatac	ttttatttgt	tggtaaacac	cgcacccacca	tcatctgatt	tgcaaacata										60357
tcggcgtcgt	ctgccgtgga	cccctgtatt	aaaggggcct	tggaaactcgc	ctccactgca										60417
tttacatctt	gtccaaactgt	atctgtatgt	ggggtgcttg	ttgtattttg	ggatgagcat										60477
agacccgaaa	cgcttgaag	ctgtttaat	aaaatcgata	ttcgaggatc	ccgtgtcccc										60537
tctggatatat	ttgtatggtg	cgacaaaggc	atttgtgtcc	cattttgtga	tttagctct										60597
gtaacctcct	gttgcagttt	tgccacaacc	ccagcaagct	cttcgtgctg	accattagaa										60657
actctgtgtc	tcctctgcc	atatgatgga	gaaactcgac	gtctccgatg	cgttatatac										60717
gttggttcac	cggaaaata	tatatttgag	ggaaactctc	cgtccatttg	agactcccca										60777
ctataaaaag	aatccaattc	ccttgatcc	atgctttga	aatccgttt	tcctggacga										60837
cgacatcggtt	ttttgtctgg	aaaatttaca	cacggggtct	gcaagtcaat	accccggtcg										60897
gcggccaaatg	cgttcataaa	tgcggacatt	tgcatttcca	aacgattggg	tggatggat										60957
cccgaaacc	cgtacggtcc	cccgaaagtgt	cccgagggc	aaccataacc	ccctgtattt										61017
ggtggaaagg	caggcgggtg	tggagatcca	tatggcccga	cgatatactg	tccgttattt										61077
ggagctccaa	ttgataccctg	cggtttta	gtctgcccgg	ttaacagctg	tgaataatac										61137

gcggtaggta tcagtacaaa ttccccctccg gttggAACgc ccgacggggg ctgtggtag 61197  
atattactag cgTTACCTgc tacagaAGCC atATCGCTgt cgTTCCtaca caACTGCGta 61257  
acctttaaat gcggAACAGt ctTTTcacAA tCTTCATTg attCCCCAAC acccaACGCG 61317  
agatcgtata tgggcccGCC ggggtggaaT gtggcgTTtA taacACCCGC gttgggtaat 61377  
ttagactCCA ccccattaAC gttggTTATC cgagcaAGTC cataTCGGt gctAGCCTGA 61437  
agataAACgt gaccataAT tccggCTTCg cgtCTACgtT ttgcaACCAC gtCCCATCTA 61497  
tctcttaaaa gcatattgtt cacggCTGTg gataataACA cCTTGGCGAG tttatCTTCg 61557  
ctaaccTTCC atactttatt taaACCCGCG tagtCTTAA ccAGCGACAA taACCgCGCT 61617  
ttactttCCA tcgataAAAC ccggAAATGGT tcaattGAAG attCCGGGT acAGTCATAA 61677  
ttgaccACTg ttccaACGCG tCTTCCAAACA acacataACG caACATGGGT aaaaaAAAtTA 61737  
ccgtCTGGta tCTCATTcGG ggacaATCgt ttGAAGACA gggatacGGa gggtaAGtaA 61797  
tttGTGACCA agtataACGc acgttCTAGC ggAGATAATA cagaATCTt atttCCAAA 61857  
aaattcgaat gggccgCTTC aaacAGCACC gcatgttagtt gagggcatct aacgataACCC 61917  
aaaaaaaaAG gtccGCGTAT gtcctcaatG attGCGATTA CTTCACCCAC gacacAGTCT 61977  
tttCGATGAT cgatGTTTAT tggtatttTA ctagtaggCG gcaaAGCGGA ccgcacaATC 62037  
tctGGGGtaa tatttaATTc CCCTTCGTCC ttGAATATA aggCTAAATA CCCAGCCACG 62097  
tataACGCTT cacAGTTCTC ttCGTCAGCT tcAGCAGCCA ttataAACAC CCCACGGACC 62157  
ggatAGTGAA tactCACGGT gtggaggCAA actGAGGAAT gacACCCAAA cAGACAAAAT 62217  
atagaAGATC atAGTCACTG ttaACGTtGA actGCGCAAG gcggcGACTT tCTTCCAAATG 62277  
ccGCCCTTAC acgCGGTTGG tgCATTAAACA ttCCAAGTCC CGTTCTAT tgCAACATAA 62337  
caCTGTcatG tattGATAcc acggcggcta tgggtaggGA tgtaACATTt tgTCGGCGGT 62397  
gttCTAAATTc caATGCAATT aAGCTTATGA gCcGATCTG gtACTGTCCA gaAGAAATAT 62457  
ctattACGGT tCTTCCtAAAC CTTCCACGAC taAGCTGGGT atGCGCTCT aaACAAAGAG 62517  
caACTAAATCC aggAAACATT tcAGTCAGCT ctgtggTCCG attTAACGTA tacAGTGGTG 62577  
ctatataATCG ttCACATAAA aATTGAAAGT tattattACC gCTTTAAAC ttCCCATCAA 62637

accccgctgc tccgcgcaag attacattgt tggttaggggt tcctgttgct tctgacacaa 62697  
tcaaaccagg ttgaaaatta ttttttagtt tatctccgta tacgttcccg ttccataata 62757  
agcgccttaa taataataac gccgtaatcg tgtcaattgt taaccttaat agagtttgt 62817  
cttccataag aaacacgttt tgggcccgtt ctaaatacgc cgccggccgc tggtaatct 62877  
tgtccacata tgcgttatga ttgcgtatcaa taatgtcatt aacccagga ttaaactgtc 62937  
caggtgcagg cggtaggacc tgcaaccgta taagcgcatc cataacagaa tgtgacgtta 62997  
aggcccttg atcataccgc cccccacgag catgaaactg gtcgcgtggt agacgatcat 63057  
agcaaaattg ataactgttt ttatttcgt gtgtgtcat ataattcaca aatgtctcag 63117  
tatattccgg taggtgctct ataagggtcc cgaaggacga aacttgaggt tcgtggacac 63177  
tattagatgt cctatacatt aaatataaac ataataccgc acactcgaac gcggagtacg 63237  
ctctatctcc aacatacatt ctccggcgg actgtagaca tggtaaccgtt gtgttcataa 63297  
acgtacggaa aatgcgcccgt tcttacaat caactccggt tgcaactacg ggcctatcta 63357  
acacaagccg ttcctgcaga gtacgatacc atggcccgaa aacaatccct ggagagttat 63417  
tgccccttgc cttcccaag tacaccaggg tgataaaatc cactgaaag tttgtatcgt 63477  
actgcaacgg tgcatcattt ttggcaatct gtacctcggt gtgtatagac tcattgcgt 63537  
ttatttctgt acgtgtacat tcctcagatt gtgcacatctgc ttctccgccc tcggcagcag 63597  
ccgtctccag ggaatccaaa accttgcca tgcgcgttag ttgttctcg aggggctta 63657  
aacgacgatc tattccgtt ggtAACGTAAC tcgtttcccc gcgaagggttgc tcaatgcgg 63717  
caacggccgc cgcatTTTTT aacgttaacg tattttttc caaatcggaa ttcatacgcc 63777  
ctcttaactc aaacgcggaa gccgtccagt agtgtatggg gaagtgggg gctataaagt 63837  
tcttagtgtt agacaaaaat atcccacatt tattcgaaa cgagatagat ccgaaccat 63897  
atctcgccgt catggtgtct gcagcaaaca aagtcaactg gcgtgaatat aaaccggat 63957  
tgctttaaaaa gctgtttct tacccatggg aaaacatccc ggttatactt tgtaaaattc 64017  
caccacaagc acctaaagaa ggccttctaa gggtaaatac cacccacaa gctgcattt 64077  
cttcaaactt tgttaaagcg gaacgatggc atgattcgc acgcttttc gcaagagaac 64137

atacgtgaat tttcttttg catagacgtc ttgcgtctct aacggacctt atcgaaaaaa 64197  
 tatattccgc tacattctcc aaatgcgacg ctagcataac aaggttcca tgaatcacct 64257  
 ttggggtaa ccgagttacc tgtaacaggt tcagaccccg ttgagataca aacacaagga 64317  
 ggggggtcac cattattca tcagatcccg tgggtgttgt ttcctttttaaagccatgg 64377  
 tatccctcag ctggcgcata ccctcgaaa actgggtata cttagtaggg gtatgtatat 64437  
 tagcgctaaa acggcaagat ttaattcca ctataaaaca aacggtctt ccggcaccac 64497  
 tggattccgt ttgtataata caaacacaat cggggcgtcg gcgtcccaa ttacttcaa 64557  
 acgacattga tatgcgtaca gcccttigaa catccacgtg ggataacggc gacaggagtt 64617  
 ttgccagcct cgggttgaac gcgtccgcga aacctcgacg tacgttatca atatccttt 64677  
 tgagtacatc gtaaaaacga gtgtggcaac gttgtcccaa acgaaaacac ttggccgaa 64737  
 ttgcactagc ggacatattt gaagttccgt cccagaagat aacctaagac gcgtttgtct 64797  
 acaataaac atg tca acg gat aaa acc gat gta aaa atg ggc gtt 64842  
     Met Ser Thr Asp Lys Thr Asp Val Lys Met Gly Val  
     10905                 10910                 10915  
  
 ttg cgt att tat ttg gac ggg gcg tat gga att gga aaa aca acc 64887  
 Leu Arg Ile Tyr Leu Asp Gly Ala Tyr Gly Ile Gly Lys Thr Thr  
     10920                 10925                 10930  
  
 gcc gcc gaa gaa ttt tta cac cac ttt gca ata aca cca aac cgg 64932  
 Ala Ala Glu Glu Phe Leu His His Phe Ala Ile Thr Pro Asn Arg  
     10935                 10940                 10945  
  
 atc tta ctc att ggg gag ccc ctg tcg tat tgg cgt aac ctt gca 64977  
 Ile Leu Leu Ile Gly Glu Pro Leu Ser Tyr Trp Arg Asn Leu Ala  
     10950                 10955                 10960  
  
 ggg gag gac gcc att tgc gga att tac gga aca caa act cgc cgt 65022  
 Gly Glu Asp Ala Ile Cys Gly Ile Tyr Gly Thr Gln Thr Arg Arg  
     10965                 10970                 10975  
  
 ctt aat gga gac gtt tcg cct gaa gac gca caa cgc ctc acg gct 65067  
 Leu Asn Gly Asp Val Ser Pro Glu Asp Ala Gln Arg Leu Thr Ala  
     10980                 10985                 10990  
  
 cat ttt cag agc ctg ttc tgt tct ccg cat gca att atg cat gcg 65112  
 His Phe Gln Ser Leu Phe Cys Ser Pro His Ala Ile Met His Ala  
     10995                 11000                 11005

aaa atc tcg gca ttg Lys Ile Ser Ala Leu	atg gac aca agt aca Met Asp Thr Ser Thr	tcg gat ctc gta caa Ser Asp Leu Val Gln	65157
11010	11015	11020	
gta aat aag gag ccg Val Asn Lys Glu Pro	tat aaa att atg tta Tyr Lys Ile Met Leu	tcc gac cga cac cca Ser Asp Arg His Pro	65202
11025	11030	11035	
atc gcc tca act ata Ile Ala Ser Thr Ile	tgt ttt ccc ttg tcc Cys Phe Pro Leu Ser	aga tac tta gtg gga Arg Tyr Leu Val Gly	65247
11040	11045	11050	
gat atg tcc cca gcg Asp Met Ser Pro Ala	gcg ctt cct ggg tta Ala Leu Pro Gly Leu	ttg ttt acg ctt ccc Leu Phe Thr Leu Pro	65292
11055	11060	11065	
gct gaa ccc ccc ggg Ala Glu Pro Pro Gly	acc aac ttg gta gtt Thr Asn Leu Val Val	tgt acc gtt tca ctc Cys Thr Val Ser Leu	65337
11070	11075	11080	
ccc agt cat tta tcc Pro Ser His Leu Ser	aga gta agc aaa cgg Arg Val Ser Lys Arg	gcc aga ccg gga gaa Ala Arg Pro Gly Glu	65382
11085	11090	11095	
acg gtt aat ctg ccg Thr Val Asn Leu Pro	ttt gtt atg gtt ctg Phe Val Met Val Leu	aga aat gta tat ata Arg Asn Val Tyr Ile	65427
11100	11105	11110	
atg ctt att aat aca Met Leu Ile Asn Thr	att ata ttt ctt aaa Ile Ile Phe Leu Lys	act aac aac tgg cac Thr Asn Asn Trp His	65472
11115	11120	11125	
gcg ggc tgg aac aca Ala Gly Trp Asn Thr	ctg tca ttt tgt aat Leu Ser Phe Cys Asn	gat gta ttt aaa cag Asp Val Phe Lys Gln	65517
11130	11135	11140	
aaa tta caa aaa tcc Lys Leu Gln Lys Ser	gag tgt ata aaa cta Glu Cys Ile Lys Leu	cgc gaa gta cct ggg Arg Glu Val Pro Gly	65562
11145	11150	11155	
att gaa gac acg tta Ile Glu Asp Thr Leu	ttc gcc gtg ctt aaa Phe Ala Val Leu Lys	ctt ccg gag ctt tgc Leu Pro Glu Leu Cys	65607
11160	11165	11170	
gga gag ttt gga aat Gly Glu Phe Gly Asn	att ctg ccg tta tgg Ile Leu Pro Leu Trp	gca tgg gga atg gag Ala Trp Gly Met Glu	65652
11175	11180	11185	
acc ctt tca aac tgc tca cga agc atg tct	ccg ttc gta tta tcg	65697	

Thr	Leu	Ser	Asn	Cys	Ser	Arg	Ser	Met	Ser	Pro	Phe	Val	Leu	Ser	
															11190
															11195
															11200
tta	gaa	cag	aca	ccc	cag	cat	gcg	gca	caa	gaa	cta	aaa	act	ctg	65742
Leu	Glu	Gln	Thr	Pro	Gln	His	Ala	Ala	Gln	Glu	Leu	Lys	Thr	Leu	
															11205
															11210
															11215
cta	ccc	cag	atg	acc	ccg	gca	aac	atg	tcc	tcc	ggt	gca	tgg	aat	65787
Leu	Pro	Gln	Met	Thr	Pro	Ala	Asn	Met	Ser	Ser	Gly	Ala	Trp	Asn	
															11220
															11225
															11230
ata	ttg	aaa	gag	ctt	gtt	aat	gcc	gtt	cag	gac	aac	act	tcc	taa	65832
Ile	Leu	Lys	Glu	Leu	Val	Asn	Ala	Val	Gln	Asp	Asn	Thr	Ser		
															11235
															11240
atatacctag	tattacgta	tgtaccagta	aaaagatgat	acacattgtc	atactcgcgt										65892
gtacgtgttt	ttcttttta	tatatgcgtc	atttattacc	acatccctta	atccgcctt										65952
tatctcccta	aaacggagtg	gtaatattaa	aagccgccaa	gcctgttggt	gggtgaggag										66012
gggtaaaggc	acgctgtgt	cataacgttg	cggtgatatt	gtagcgcaag	taacagcgac										66072
t	atg	ttt	gcf	cta	gtt	tta	gcf	gtg	gta	att	ctt	cct	ctt	tgg	66115
Met		Phe	Ala	Leu	Val	Leu	Ala	Val	Val	Ile	Leu	Pro	Leu	Trp	
															11245
															11250
															11255
acc	acg	gct	aat	aaa	tct	tac	gta	aca	cca	acc	cct	gcf	act	cgc	66160
Thr	Thr	Ala	Asn	Lys	Ser	Tyr	Val	Thr	Pro	Thr	Pro	Ala	Thr	Arg	
															11260
															11265
															11270
tct	atc	gga	cat	atg	tct	gct	ctt	cta	cga	gaa	tat	tcc	gac	cgt	66205
Ser	Ile	Gly	His	Met	Ser	Ala	Leu	Leu	Arg	Glu	Tyr	Ser	Asp	Arg	
															11275
															11280
															11285
aat	atg	tct	ctg	aaa	tta	gaa	gcc	ttt	tat	cct	act	ggt	ttc	gat	66250
Asn	Met	Ser	Leu	Lys	Leu	Glu	Ala	Phe	Tyr	Pro	Thr	Gly	Phe	Asp	
															11290
															11295
															11300
gaa	gaa	ctc	att	aaa	tca	ctt	cac	tgg	gga	aat	gat	aga	aaa	cac	66295
Glu	Glu	Leu	Ile	Lys	Ser	Leu	His	Trp	Gly	Asn	Asp	Arg	Lys	His	
															11305
															11310
															11315
gtt	ttc	ttg	gtt	att	gtt	aag	gtt	aac	cct	aca	aca	cac	gaa	gga	66340
Val	Phe	Leu	Val	Ile	Val	Lys	Val	Asn	Pro	Thr	Thr	His	Glu	Gly	
															11320
															11325
															11330
gac	gtc	ggg	ctg	gtt	ata	ttt	cca	aaa	tac	ttg	tta	tcg	cca	tac	66385
Asp	Val	Gly	Leu	Val	Ile	Phe	Pro	Lys	Tyr	Leu	Leu	Ser	Pro	Tyr	
															11335
															11340
															11345

cat ttc	aaa gca gaa cat cga	gca ccg ttt cct gct	gga cgt ttt	66430
His Phe	Lys Ala Glu His Arg	Ala Pro Phe Pro Ala	Gly Arg Phe	
11350	11355	11360		
gga ttt	ctt agt cac cct gtg	aca ccc gac gtg agc	ttc ttt gac	66475
Gly Phe	Leu Ser His Pro Val	Thr Pro Asp Val Ser	Phe Phe Asp	
11365	11370	11375		
agt tcg	ttt gcg ccg tat tta	act acg caa cat ctt	gtt gcg ttt	66520
Ser Ser	Phe Ala Pro Tyr Leu	Thr Thr Gln His Leu	Val Ala Phe	
11380	11385	11390		
act acg	ttc cca cca aac ccc	ctt gta tgg cat ttg	gaa aga gct	66565
Thr Thr	Phe Pro Pro Asn Pro	Leu Val Trp His Leu	Glu Arg Ala	
11395	11400	11405		
gag acc	gca gca act gca gaa	agg ccg ttt ggg gta	agt ctt tta	66610
Glu Thr	Ala Ala Thr Ala Glu	Arg Pro Phe Gly Val	Ser Leu Leu	
11410	11415	11420		
ccc gct	cgc cca aca gtc ccc	aag aat act att ctg	gaa cat aaa	66655
Pro Ala	Arg Pro Thr Val Pro	Lys Asn Thr Ile Leu	Glu His Lys	
11425	11430	11435		
gcg cat	ttt gct aca tgg gat	gcc ctt gcc cga cat	act ttt ttt	66700
Ala His	Phe Ala Thr Trp Asp	Ala Leu Ala Arg His	Thr Phe Phe	
11440	11445	11450		
tct gcc	gaa gca att atc acc	aac tca acg ttg aga	ata cac gtt	66745
Ser Ala	Glu Ala Ile Ile Thr	Asn Ser Thr Leu Arg	Ile His Val	
11455	11460	11465		
ccc ctt	ttt ggg tcg gta tgg	cca att cga tac tgg	gcc acc ggt	66790
Pro Leu	Phe Gly Ser Val Trp	Pro Ile Arg Tyr Trp	Ala Thr Gly	
11470	11475	11480		
tcg gtg	ctt ctc aca agc gac	tcg ggt cgt gtg gaa	gta aat att	66835
Ser Val	Leu Leu Thr Ser Asp	Ser Gly Arg Val Glu	Val Asn Ile	
11485	11490	11495		
ggt gta	gga ttt atg agc tcg	ctc att tct tta tcc	tct gga cca	66880
Gly Val	Gly Phe Met Ser Ser	Leu Ile Ser Leu Ser	Ser Gly Pro	
11500	11505	11510		
ccg ata	gaa tta att gtt gta	cca cat aca gta aaa	ctg aac gcg	66925
Pro Ile	Glu Leu Ile Val Val	Pro His Thr Val Lys	Leu Asn Ala	
11515	11520	11525		
gtt aca	agc gac acc aca tgg	ttc cag cta aat cca	ccg ggt ccg	66970

Val	Thr	Ser	Asp	Thr	Thr	Trp	Phe	Gln	Leu	Asn	Pro	Pro	Gly	Pro
11530						11535					11540			
gat	ccg	ggg	cca	tct	tat	cga	gtt	tat	tta	ctt	gga	cgt	ggg	ttg
Asp	Pro	Gly	Pro	Ser	Tyr	Arg	Val	Tyr	Leu	Leu	Gly	Arg	Gly	Leu
11545						11550					11555			
gat	atg	aat	ttt	tca	aag	cat	gct	acg	gtc	gat	ata	tgc	gca	tat
Asp	Met	Asn	Phe	Ser	Lys	His	Ala	Thr	Val	Asp	Ile	Cys	Ala	Tyr
11560						11565					11570			
ccc	gaa	gag	agt	ttg	gat	tac	cgc	tat	cat	tta	tcc	atg	gcc	cac
Pro	Glu	Glu	Ser	Leu	Asp	Tyr	Arg	Tyr	His	Leu	Ser	Met	Ala	His
11575						11580					11585			
acg	gag	gct	ctg	cgg	atg	aca	acg	aag	gcg	gat	caa	cat	gac	ata
Thr	Glu	Ala	Leu	Arg	Met	Thr	Thr	Lys	Ala	Asp	Gln	His	Asp	Ile
11590						11595					11600			
aac	gag	gaa	agc	tat	tac	cat	atc	gcc	gca	aga	ata	gcc	aca	tca
Asn	Glu	Glu	Ser	Tyr	Tyr	His	Ile	Ala	Ala	Arg	Ile	Ala	Thr	Ser
11605						11610					11615			
att	ttt	gcg	ttg	tcg	gaa	atg	ggc	cgt	acc	aca	gaa	tat	ttt	ctg
Ile	Phe	Ala	Leu	Ser	Glu	Met	Gly	Arg	Thr	Thr	Glu	Tyr	Phe	Leu
11620						11625					11630			
tta	gat	gag	atc	gta	gat	gtt	cag	tat	caa	tta	aaa	ttc	ctt	aat
Leu	Asp	Glu	Ile	Val	Asp	Val	Gln	Tyr	Gln	Leu	Lys	Phe	Leu	Asn
11635						11640					11645			
tac	att	tta	atg	cg	ata	gga	gca	gga	gct	cat	ccc	aac	act	ata
Tyr	Ile	Leu	Met	Arg	Ile	Gly	Ala	Gly	Ala	His	Pro	Asn	Thr	Ile
11650						11655					11660			
tcc	gga	acc	tcg	gat	ctg	atc	ttt	gcc	gat	cca	tcg	cag	ctt	cat
Ser	Gly	Thr	Ser	Asp	Leu	Ile	Phe	Ala	Asp	Pro	Ser	Gln	Leu	His
11665						11670					11675			
gac	gaa	ctt	tca	ctt	ctt	ttt	ggt	cag	gta	aaa	ccc	gca	aat	gtc
Asp	Glu	Leu	Ser	Leu	Leu	Phe	Gly	Gln	Val	Lys	Pro	Ala	Asn	Val
11680						11685					11690			
gat	tat	ttt	att	tca	tat	gat	gaa	gcc	cgt	gat	caa	cta	aag	acc
Asp	Tyr	Phe	Ile	Ser	Tyr	Asp	Glu	Ala	Arg	Asp	Gln	Leu	Lys	Thr
11695						11700					11705			
gca	tac	gcg	ctt	tcc	cgt	ggt	caa	gac	cat	gtg	aat	gca	ctt	tct
Ala	Tyr	Ala	Leu	Ser	Arg	Gly	Gln	Asp	His	Val	Asn	Ala	Leu	Ser
11710						11715					11720			

ctc gcc	agg cgt gtt ata atg	agc ata tac aag ggg	ctg ctt gtg	67555
Leu Ala	Arg Arg Val Ile Met	Ser Ile Tyr Lys Gly	Leu Leu Val	
11725	11730	11735		
aag caa	aat tta aat gct aca	gag agg cag gct tta	ttt ttt gcc	67600
Lys Gln	Asn Leu Asn Ala Thr	Glu Arg Gln Ala Leu	Phe Phe Ala	
11740	11745	11750		
tca atg	att tta tta aat ttc	cgc gaa gga cta gaa	aat tca tct	67645
Ser Met	Ile Leu Leu Asn Phe	Arg Glu Gly Leu Glu	Asn Ser Ser	
11755	11760	11765		
cgg gta	tta gac ggt cgc aca	act ttg ctt tta atg	aca tcc atg	67690
Arg Val	Leu Asp Gly Arg Thr	Thr Leu Leu Leu Met	Thr Ser Met	
11770	11775	11780		
tgt acg	gca gct cac gcc acg	caa gca gca ctt aac	ata caa gaa	67735
Cys Thr	Ala Ala His Ala Thr	Gln Ala Ala Leu Asn	Ile Gln Glu	
11785	11790	11795		
ggc ctg	gca tac tta aat cct	tca aaa cac atg ttt	aca ata cca	67780
Gly Leu	Ala Tyr Leu Asn Pro	Ser Lys His Met Phe	Thr Ile Pro	
11800	11805	11810		
aac gta	tac agt cct tgt atg	ggt tcc ctt cgt aca	gac ctc acg	67825
Asn Val	Tyr Ser Pro Cys Met	Gly Ser Leu Arg Thr	Asp Leu Thr	
11815	11820	11825		
gaa gag	att cat gtt atg aat	ctc ctg tcg gca ata	cca aca cgc	67870
Glu Glu	Ile His Val Met Asn	Leu Leu Ser Ala Ile	Pro Thr Arg	
11830	11835	11840		
cca gga	ctt aac gag gta ttg	cat acc caa cta gac	gaa tct gaa	67915
Pro Gly	Leu Asn Glu Val Leu	His Thr Gln Leu Asp	Glu Ser Glu	
11845	11850	11855		
ata ttc	gac gcg gca ttt aaa	acc atg atg att ttt	acc aca tgg	67960
Ile Phe	Asp Ala Ala Phe Lys	Thr Met Met Ile Phe	Thr Thr Trp	
11860	11865	11870		
act gcc	aaa gat ttg cat ata	ctc cac acc cat gta	cca gaa gta	68005
Thr Ala	Lys Asp Leu His Ile	Leu His Thr His Val	Pro Glu Val	
11875	11880	11885		
ttt acg	tgt caa gat gca gcc	gcg cgt aac gga gaa	tat gtg ctc	68050
Phe Thr	Cys Gln Asp Ala Ala	Ala Arg Asn Gly Glu	Tyr Val Leu	
11890	11895	11900		
att ctt	cca gct gtc cag gga	cac agt tat gtg att	aca cga aac	68095

Ile	Leu	Pro	Ala	Val	Gln	Gly	His	Ser	Tyr	Val	Ile	Thr	Arg	Asn	
11905					11910						11915				
aaa	cct	caa	agg	ggt	ttg	gta	tat	tcc	ctg	gca	gat	gtg	gat	gta	68140
Lys	Pro	Gln	Arg	Gly	Leu	Val	Tyr	Ser	Leu	Ala	Asp	Val	Asp	Val	
11920					11925						11930				
tat	aac	ccc	ata	tcc	gtt	gtt	tat	tta	agc	agg	gat	act	tgc	gtg	68185
Tyr	Asn	Pro	Ile	Ser	Val	Val	Tyr	Leu	Ser	Arg	Asp	Thr	Cys	Val	
11935					11940						11945				
tct	gaa	cat	ggt	gtc	ata	gag	acg	gtc	gca	ctg	ccc	cat	ccg	gac	68230
Ser	Glu	His	Gly	Val	Ile	Glu	Thr	Val	Ala	Leu	Pro	His	Pro	Asp	
11950					11955						11960				
aat	tta	aaa	gaa	tgt	ttg	tat	tgc	gga	agt	gtt	ttt	ctt	agg	tat	68275
Asn	Leu	Lys	Glu	Cys	Leu	Tyr	Cys	Gly	Ser	Val	Phe	Leu	Arg	Tyr	
11965					11970						11975				
cta	acc	acg	ggg	gcg	att	atg	gat	ata	att	att	att	gac	agc	aaa	68320
Leu	Thr	Thr	Gly	Ala	Ile	Met	Asp	Ile	Ile	Ile	Ile	Asp	Ser	Lys	
11980					11985						11990				
gat	aca	gaa	cga	caa	cta	gcc	gct	atg	gga	aac	tcc	aca	att	cca	68365
Asp	Thr	Glu	Arg	Gln	Leu	Ala	Ala	Met	Gly	Asn	Ser	Thr	Ile	Pro	
11995					12000						12005				
ccc	ttc	aat	cca	gac	atg	cac	ggg	gat	gac	tct	aag	gct	gtg	ttg	68410
Pro	Phe	Asn	Pro	Asp	Met	His	Gly	Asp	Asp	Ser	Lys	Ala	Val	Leu	
12010					12015						12020				
ttg	ttt	cca	aac	gga	act	gtg	gta	acg	ctt	cta	gga	ttc	gaa	cga	68455
Leu	Phe	Pro	Asn	Gly	Thr	Val	Val	Thr	Leu	Leu	Gly	Phe	Glu	Arg	
12025					12030						12035				
cga	caa	gcc	ata	cga	atg	tcg	gga	caa	tac	ctt	ggg	gcc	tct	tta	68500
Arg	Gln	Ala	Ile	Arg	Met	Ser	Gly	Gln	Tyr	Leu	Gly	Ala	Ser	Leu	
12040					12045						12050				
gga	ggg	gcg	ttt	ctg	gcg	gta	gtg	ggg	ttt	ggt	att	atc	gga	tgg	68545
Gly	Gly	Ala	Phe	Leu	Ala	Val	Val	Gly	Phe	Gly	Ile	Ile	Gly	Trp	
12055					12060						12065				
atg	tta	tgt	gga	aat	tcc	cgc	ctt	cga	gaa	tat	aat	aaa	ata	cct	68590
Met	Leu	Cys	Gly	Asn	Ser	Arg	Leu	Arg	Glu	Tyr	Asn	Lys	Ile	Pro	
12070					12075						12080				
ctg	aca	taa	aaaacatgt	a	taataaaaag	tcactataaa	cgtattctct								68639
Leu	Thr														
12085															

acaatactt attcgcaat aatacacact acctttgggt tttttcccg tccccaaatg 68699  
gtgttggtg cactctacca aaaaatagag cgccctaaata tgctatataa cgccctccag 68759  
caaaaatacgg ttcaaaggca ttacccgata ttgtattgta gtacagggca atgggaattg 68819  
atgatccaa taaacggcat agacgcacag cgccgttata gcaggggtct ccagagtaca 68879  
gggtatctaa gtaccggat atctcatact catgccttc cgtgacagaa acatcaaccg 68939  
gaacagtatc cgataaacca actcctgttt ttgcaaggcg taaaattcgc acacccct 68999  
ttttgcaag atgtgacgtt tccttgcatac aggaaagctg ggggagtgg aagaacaaca 69059  
aagttcagc caacgtgccca ataaagccca ctccctcaa gaggctgtt gctgtatcca 69119  
caatggtccg tattaaatct tgagcaactt gatccgtgtc atcatcactg ggtaacgcgt 69179  
taacataact acgcgttaaa tcttcaataa cgccataaca attaaacgct tcccaccgag 69239  
acagtatata ttgaacaatc acgaaccgtt gacaggacgt cagatcacgt ccgtaagcat 69299  
ccccgaaaaa tggaagttcc ccccggtcgc catataccgc aacaactgca gtatatatcg 69359  
tctcacggc ttcattaagt tcatttcataa gtccaggcca tttctggct ttaaatataa 69419  
cctcgtccgc aaaaaaaaaacc gcacatgata acgcgcggat acaatgagta gtggcttt 69479  
ggcgaggatc ccaaagtcc attacccggg ggttgtcct aatctgtaca aagttactta 69539  
gtgtaatatg atcggacttc ttacgcccgc taggctgtt ctcagaatac ggtaacccg 69599  
aaatcggcac atcatctgct ttacgtctt ccgttaaccac atcagcagcg cgccgactaa 69659  
caattatact tgtttttca tcgtcggtac ttccgttaag cgctctcgat atctcggcgc 69719  
tcccgtcgaa taatccactc actagctcct gcaaactttc tggtaactcc aacatacgca 69779  
tatacaccaa tgaaaaactg gtttcgtttg gtacgtacat aaagccattt gtggattaa 69839  
tggcggtggg tggtaac aatttttagct tattctcgcg cgtaacatct acccccgcca 69899  
ccaatgttaa atgcgtcactg gggagggaca cgagataatc tgcgagcgta gggcctcca 69959  
cttcaacatc aaatgttccg caaaggtcgc gatccaccgc ccccgatccc gctgcaagta 70019  
aggccactcg atccaaaaac acgcagttat tattggatga taccgcccgt gtcgtccgg 70079  
tgcgattgag ctcacttcga acgttaactgg caacagatct gtcaccgggt ccgacccgc 70139

gaacaacatg tccaaatttt gcgatctgc ctccatgtt gcgggtatg gaaattaagc 70199  
 atccccgca tataaaatac gccctggtag cacgctcgaa aaaataaaac gttacgccgt 70259  
 tataagatac gggtgaatga tatggaaatt ccatattaaa gcgttatcg gaacattaac 70319  
 ctcgaacttg ccgtcccgtg atcgtgtat cgccaacctt aggtccacac cgaatatgag 70379  
 aaatatataa ctacacgcaa acattcaaaa caccgtggta tcattaacgt catatgaaaa 70439  
 gatccaatca atccaatcaa ccacacctcc taccgtttag cacgtcagct atgtgacatg 70499  
 ctccaaacat acgtaaacat ttagagaggg tttataaca gtctgtcagg cgggtatata 70559  
 tctacataat acaaggatcg gcttaactt tgtcaacatt ttactttgg actataaaact 70619  
 gcgactgaac gtt atg aac cca ccc caa gcc cgc gtc tcg gaa cag 70665  
 Met Asn Pro Pro Gln Ala Arg Val Ser Glu Gln  
 12090 12095  
  
 aca aag gac ttg ctt agc gtt atg gtt aac cag cac ccc gaa gag 70710  
 Thr Lys Asp Leu Leu Ser Val Met Val Asn Gln His Pro Glu Glu  
 12100 12105 12110  
  
 gac gca aaa gtg tgt aaa tcc agt gat aat tca ccg ctt tat aac 70755  
 Asp Ala Lys Val Cys Lys Ser Ser Asp Asn Ser Pro Leu Tyr Asn  
 12115 12120 12125  
  
 acc atg gtt atg tta tcg tat ggg ggt gat acg gac tta cta tta 70800  
 Thr Met Val Met Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Thr Asp Leu Leu Leu  
 12130 12135 12140  
  
 agc tct gca tgt acc cgc aca tct acc gta aac agg tcg gcg ttt 70845  
 Ser Ser Ala Cys Thr Arg Thr Ser Thr Val Asn Arg Ser Ala Phe  
 12145 12150 12155  
  
 acg caa cac tcc gtg ttt tat att ata tcc acg gtg ttg att caa 70890  
 Thr Gln His Ser Val Phe Tyr Ile Ile Ser Thr Val Leu Ile Gln  
 12160 12165 12170  
  
 cca ata tgt tgt atc ttc ttt ttt tac tat aaa gcg aca cgc 70935  
 Pro Ile Cys Cys Ile Phe Phe Phe Tyr Tyr Lys Ala Thr Arg  
 12175 12180 12185  
  
 tgt atg ctc tta ttc aca gcc ggg tta ctt ctg acg att cta cat 70980  
 Cys Met Leu Leu Phe Thr Ala Gly Leu Leu Leu Thr Ile Leu His  
 12190 12195 12200  
  
 cac ttt cga ctt att att atg tta ttg tgt gtc tac aga aat ata 71025



gag	gtg tgc cgt	tgc att ttt gat ttt	ttt aaa caa ata	71701
Glu	Val Cys Ala His Arg	Cys Ile Phe Asp Phe	Phe Lys Gln Ile	
12365	12370	12375		
cga	tca gat gat aac agc	ctt tac tcg gct caa	ttc gat att ctt	71746
Arg	Ser Asp Asp Asn Ser	Leu Tyr Ser Ala Gln	Phe Asp Ile Leu	
12380	12385	12390		
ttg	ggg aca tac tgc aat	aca tta aac ttt gtg	cgt ttt cta gaa	71791
Leu	Gly Thr Tyr Cys Asn	Thr Leu Asn Phe Val	Arg Phe Leu Glu	
12395	12400	12405		
ctt	gga ctg tct gtc gct	tgc atc tgt act aaa	ttt ccg gag ctg	71836
Leu	Gly Leu Ser Val Ala	Cys Ile Cys Thr Lys	Phe Pro Glu Leu	
12410	12415	12420		
gct	tac gtg cga gat ggc	gtt att caa ttt gag	gta caa caa ccc	71881
Ala	Tyr Val Arg Asp Gly	Val Ile Gln Phe Glu	Val Gln Gln Pro	
12425	12430	12435		
atg	ata gca cgt gat ggc	cca cat ccc gtc gat	cag cct gtt cat	71926
Met	Ile Ala Arg Asp Gly	Pro His Pro Val Asp	Gln Pro Val His	
12440	12445	12450		
aat	tat atg gtt aag cgg	ata cac aag cgt tcg	tta agc gct gcg	71971
Asn	Tyr Met Val Lys Arg	Ile His Lys Arg Ser	Leu Ser Ala Ala	
12455	12460	12465		
ttt	gca att gca tcg gaa	gcg ttg agt ttg tta	agt aac aca tat	72016
Phe	Ala Ile Ala Ser Glu	Ala Leu Ser Leu Leu	Ser Asn Thr Tyr	
12470	12475	12480		
gtc	gat ggg aca gag att	gac tca tcg tta cgt	ata aga gct atc	72061
Val	Asp Gly Thr Glu Ile	Asp Ser Ser Leu Arg	Ile Arg Ala Ile	
12485	12490	12495		
caa	cag atg gct cgt aat	tta cgc acc gtt ttg	gac tca ttt gaa	72106
Gln	Gln Met Ala Arg Asn	Leu Arg Thr Val Leu	Asp Ser Phe Glu	
12500	12505	12510		
cga	ggc act gcc gat caa	ctt ctt ggt gtt cta	ttg gag aaa gcc	72151
Arg	Gly Thr Ala Asp Gln	Leu Leu Gly Val Leu	Leu Glu Lys Ala	
12515	12520	12525		
cca	ccg cta tcg ctg ctt	tca cca att aat aaa	ttc caa ccc gag	72196
Pro	Pro Leu Ser Leu Leu	Ser Pro Ile Asn Lys	Phe Gln Pro Glu	
12530	12535	12540		
gga	cat cta aat cgt gtt	gca cgc gcg gcc cta	ctt tcg gac ctc	72241

Gly	His	Leu	Asn	Arg	Val	Ala	Arg	Ala	Ala	Leu	Leu	Ser	Asp	Leu	
12545						12550				12555					
aaa	cgt	aga	gtc	tgt	gcg	gat	atg	ttt	ttt	atg	acc	cga	cac	gcc	72286
Lys	Arg	Arg	Val	Cys	Ala	Asp	Met	Phe	Phe	Met	Thr	Arg	His	Ala	
12560						12565				12570					
agg	gaa	cct	agg	ctg	atc	tct	gcg	tat	ctg	tcg	gat	atg	gtt	tcg	72331
Arg	Glu	Pro	Arg	Leu	Ile	Ser	Ala	Tyr	Leu	Ser	Asp	Met	Val	Ser	
12575						12580				12585					
tgc	acc	caa	cca	tcg	gtg	atg	gta	tca	cga	ata	act	cat	aca	aac	72376
Cys	Thr	Gln	Pro	Ser	Val	Met	Val	Ser	Arg	Ile	Thr	His	Thr	Asn	
12590						12595				12600					
act	cgc	gga	cgg	cag	gtt	gac	ggt	gtg	ttg	gta	aca	aca	gca	acc	72421
Thr	Arg	Gly	Arg	Gln	Val	Asp	Gly	Val	Leu	Val	Thr	Thr	Ala	Thr	
12605						12610				12615					
tta	aaa	cgg	caa	cta	tta	cag	gga	att	tta	caa	att	gac	gac	acc	72466
Leu	Lys	Arg	Gln	Leu	Leu	Gln	Gly	Ile	Leu	Gln	Ile	Asp	Asp	Thr	
12620						12625				12630					
gcc	gct	gac	gta	cca	gta	aca	tat	ggc	gaa	atg	gtt	cta	cag	ggg	72511
Ala	Ala	Asp	Val	Pro	Val	Thr	Tyr	Gly	Glu	Met	Val	Leu	Gln	Gly	
12635						12640				12645					
aca	aac	ttg	gta	acc	gcc	ctt	gtg	atg	gga	aag	gcc	gtc	cgc	gga	72556
Thr	Asn	Leu	Val	Thr	Ala	Leu	Val	Met	Gly	Lys	Ala	Val	Arg	Gly	
12650						12655				12660					
atg	gat	gat	gta	gcc	cgc	cat	ctc	ctt	gat	ata	acc	gac	cct	aac	72601
Met	Asp	Asp	Val	Ala	Arg	His	Leu	Leu	Asp	Ile	Thr	Asp	Pro	Asn	
12665						12670				12675					
acg	tta	aac	ata	ccg	tct	ata	ccc	cca	caa	tcc	aac	tcc	gat	tca	72646
Thr	Leu	Asn	Ile	Pro	Ser	Ile	Pro	Pro	Gln	Ser	Asn	Ser	Asp	Ser	
12680						12685				12690					
acg	aca	gct	ggg	ctt	ccg	gtt	aac	gcc	cgt	gtt	cct	gcg	gat	tta	72691
Thr	Thr	Ala	Gly	Leu	Pro	Val	Asn	Ala	Arg	Val	Pro	Ala	Asp	Leu	
12695						12700				12705					
gtg	att	gtt	ggg	gat	aaa	ctt	gta	ttc	tta	gaa	gca	tta	gaa	cgg	72736
Val	Ile	Val	Gly	Asp	Lys	Leu	Val	Phe	Leu	Glu	Ala	Leu	Glu	Arg	
12710						12715				12720					
cgg	gtc	tac	caa	gct	acg	cgc	gtt	gcc	tac	cct	ctt	att	gga	aat	72781
Arg	Val	Tyr	Gln	Ala	Thr	Arg	Val	Ala	Tyr	Pro	Leu	Ile	Gly	Asn	
12725						12730				12735					

ata	gat att acg ttt atc	atg cca atg gga gtg	ttt cag gca aac	72826
Ile	Asp Ile Thr Phe Ile	Met Pro Met Gly Val	Phe Gln Ala Asn	
12740	12745	12750		
tcc	atg gac aga tat aca	cga cac gcc ggc gat	ttt tca act gta	72871
Ser	Met Asp Arg Tyr Thr	Arg His Ala Gly Asp	Phe Ser Thr Val	
12755	12760	12765		
tcc	gaa cag gat cca cgt	caa ttt cca ccc caa	ggg att ttt ttt	72916
Ser	Glu Gln Asp Pro Arg	Gln Phe Pro Pro Gln	Gly Ile Phe Phe	
12770	12775	12780		
tat	aat aaa gat ggg ata	tta aca cag ttg act	ctt cgt gat gca	72961
Tyr	Asn Lys Asp Gly Ile	Leu Thr Gln Leu Thr	Leu Arg Asp Ala	
12785	12790	12795		
atg	ggt acc atc tgc cac	agt tca ttg ctt gat	gtc gag gcc aca	73006
Met	Gly Thr Ile Cys His	Ser Ser Leu Leu Asp	Val Glu Ala Thr	
12800	12805	12810		
ctt	gtt gcc ctc cgc caa	caa cat tta gat cgt	cag tgt tat ttt	73051
Leu	Val Ala Leu Arg Gln	Gln His Leu Asp Arg	Gln Cys Tyr Phe	
12815	12820	12825		
ggt	gta tac gtg gcc gag	ggt aca gag gac aca	ttg gat gtt caa	73096
Gly	Val Tyr Val Ala Glu	Gly Thr Glu Asp Thr	Leu Asp Val Gln	
12830	12835	12840		
atg	ggg agg ttt atg gaa	acg tgg gca gat atg	atg cct cat cac	73141
Met	Gly Arg Phe Met Glu	Thr Trp Ala Asp Met	Met Pro His His	
12845	12850	12855		
cct	cat tgg gta aac gaa	cat tta aca att cta	cag ttt ata gct	73186
Pro	His Trp Val Asn Glu	His Leu Thr Ile Leu	Gln Phe Ile Ala	
12860	12865	12870		
ccg	agc aac ccg cgt cta	agg ttt gaa tta aac	ccc gcc ttt gat	73231
Pro	Ser Asn Pro Arg Leu	Arg Phe Glu Leu Asn	Pro Ala Phe Asp	
12875	12880	12885		
ttt	ttt gtt gca ccg ggg	gac gta gac ctt ccc	gga ccg cag cgt	73276
Phe	Phe Val Ala Pro Gly	Asp Val Asp Leu Pro	Gly Pro Gln Arg	
12890	12895	12900		
ccc	ccg gaa gcc atg cca	acc gtt aac gca aca	tta cgg att atc	73321
Pro	Pro Glu Ala Met Pro	Thr Val Asn Ala Thr	Leu Arg Ile Ile	
12905	12910	12915		
aac	gga aac att ccc gtg	cct cta tgt ccc att	tca ttt cga gac	73366

Asn	Gly	Asn	Ile	Pro	Val	Pro	Leu	Cys	Pro	Ile	Ser	Phe	Arg	Asp	
12920						12925				12930					
tgt	cgc	gga	acc	caa	ctc	ggt	ttg	gga	aga	cat	aca	atg	acc	ccg	73411
Cys	Arg	Gly	Thr	Gln	Leu	Gly	Leu	Gly	Arg	His	Thr	Met	Thr	Pro	
12935					12940					12945					
gca	acc	att	aaa	gcc	gta	aag	gat	aca	ttt	gaa	gac	cgc	gca	tac	73456
Ala	Thr	Ile	Lys	Ala	Val	Lys	Asp	Thr	Phe	Glu	Asp	Arg	Ala	Tyr	
12950					12955					12960					
cca	act	att	ttc	tac	atg	cta	gag	gct	gtt	att	cat	gga	aac	gaa	73501
Pro	Thr	Ile	Phe	Tyr	Met	Leu	Glu	Ala	Val	Ile	His	Gly	Asn	Glu	
12965					12970					12975					
aga	aac	ttc	tgt	gcg	tta	ctg	cga	ctg	tta	aca	cag	tgt	att	cgc	73546
Arg	Asn	Phe	Cys	Ala	Leu	Leu	Arg	Leu	Leu	Thr	Gln	Cys	Ile	Arg	
12980					12985					12990					
ggg	tat	tgg	gag	caa	tcc	cac	agg	gtg	gca	ttt	gta	aat	aac	ttt	73591
Gly	Tyr	Trp	Glu	Gln	Ser	His	Arg	Val	Ala	Phe	Val	Asn	Asn	Phe	
12995					13000					13005					
cac	atg	tta	atg	tac	ata	act	aca	tat	ctc	gga	aac	ggt	gag	ctt	73636
His	Met	Leu	Met	Tyr	Ile	Thr	Thr	Tyr	Leu	Gly	Asn	Gly	Glu	Leu	
13010					13015					13020					
ccc	gaa	gtc	tgt	att	aat	ata	tat	cg	gat	tta	ctg	cag	cat	gta	73681
Pro	Glu	Val	Cys	Ile	Asn	Ile	Tyr	Arg	Asp	Leu	Leu	Gln	His	Val	
13025					13030					13035					
aga	gca	tta	cgc	caa	act	ata	acc	gat	ttt	aca	ata	caa	gga	gag	73726
Arg	Ala	Leu	Arg	Gln	Thr	Ile	Thr	Asp	Phe	Thr	Ile	Gln	Gly	Glu	
13040					13045					13050					
ggc	cat	aac	ggc	gag	acc	tcg	gaa	gcf	cta	aat	aac	atc	ctt	acg	73771
Gly	His	Asn	Gly	Glu	Thr	Ser	Glu	Ala	Leu	Asn	Asn	Ile	Leu	Thr	
13055					13060					13065					
gat	gac	acg	ttt	att	gca	cct	att	cta	tgg	gat	tgt	gat	gcf	tta	73816
Asp	Asp	Thr	Phe	Ile	Ala	Pro	Ile	Leu	Trp	Asp	Cys	Asp	Ala	Leu	
13070					13075					13080					
ata	tac	cgt	gat	gaa	gcc	gcc	cga	gac	cga	ctc	ccc	gca	att	cgt	73861
Ile	Tyr	Arg	Asp	Glu	Ala	Ala	Arg	Asp	Arg	Leu	Pro	Ala	Ile	Arg	
13085					13090					13095					
gta	agc	ggg	cga	aac	gga	tac	caa	gcc	ctt	cac	ttt	gtg	gat	atg	73906
Val	Ser	Gly	Arg	Asn	Gly	Tyr	Gln	Ala	Leu	His	Phe	Val	Asp	Met	
13100					13105					13110					

gcc	ggg cat aac ttc caa	cga cgc gat aat gtg	tta atc cac ggg	73951
Ala	Gly His Asn Phe Gln	Arg Arg Asp Asn Val	Leu Ile His Gly	
13115	13120	13125		
aga	ccc gtt cg <sup>g</sup> gga gac	acg ggt cag ggt att	ccc att act cca	73996
Arg	Pro Val Arg Gly Asp	Thr Gly Gln Gly Ile	Pro Ile Thr Pro	
13130	13135	13140		
cac	cat gac cgt gaa tgg	ggt att ctc tcc aag	att tac tac tat	74041
His	His Asp Arg Glu Trp	Gly Ile Leu Ser Lys	Ile Tyr Tyr Tyr	
13145	13150	13155		
att	gtc att cct gca ttt	tcc cgc ggt tcc tgt	tgt aca atg ggc	74086
Ile	Val Ile Pro Ala Phe	Ser Arg Gly Ser Cys	Cys Thr Met Gly	
13160	13165	13170		
gtg	cgt tat gat cgc cta	tac cct gc <sup>g</sup> tta cag	gca gtt atc gtt	74131
Val	Arg Tyr Asp Arg Leu	Tyr Pro Ala Leu Gln	Ala Val Ile Val	
13175	13180	13185		
ccg	gaa att ccc gct gat	gaa gaa gcc cca act	acc cca gaa gat	74176
Pro	Glu Ile Pro Ala Asp	Glu Glu Ala Pro Thr	Thr Pro Glu Asp	
13190	13195	13200		
cca	aga cac cct ctt cac	gca cac caa ctc gtt	ccg aac tct ctt	74221
Pro	Arg His Pro Leu His	Ala His Gln Leu Val	Pro Asn Ser Leu	
13205	13210	13215		
aac	gtt tac ttc cat aat	gca cac cta acc gtt	gat ggt gat gca	74266
Asn	Val Tyr Phe His Asn	Ala His Leu Thr Val	Asp Gly Asp Ala	
13220	13225	13230		
ttg	ctc aca cta caa gag	tta atg gga gat atg	gct gaa cga acg	74311
Leu	Leu Thr Leu Gln Glu	Leu Met Gly Asp Met	Ala Glu Arg Thr	
13235	13240	13245		
acg	gcc att tta gta tca	agc gcc ccc gat gcg	gga gcc gcc acg	74356
Thr	Ala Ile Leu Val Ser	Ser Ala Pro Asp Ala	Gly Ala Ala Thr	
13250	13255	13260		
gca	aca acc aga aat atg	aga ata tat gac gga	gcg ctt tac cat	74401
Ala	Thr Thr Arg Asn Met	Arg Ile Tyr Asp Gly	Ala Leu Tyr His	
13265	13270	13275		
ggc	ctt att atg atg gca	tat cag gcg tac gat	gaa acc att gca	74446
Gly	Leu Ile Met Met Ala	Tyr Gln Ala Tyr Asp	Glu Thr Ile Ala	
13280	13285	13290		
acg	ggt act ttt ttt tat	ccc gtt ccg gtc aac	cct ctg ttt gca	74491

Thr	Gly Thr Phe Phe Tyr	Pro Val Pro Val Asn	Pro Leu Phe Ala	
13295	13300	13305		
tgt	ccg gaa cat ttg gca	tca ttg cgt gga atg	aca aat gct agg	74536
Cys	Pro Glu His Leu Ala	Ser Leu Arg Gly Met	Thr Asn Ala Arg	
13310	13315	13320		
cgg	gtt ttg gca aaa atg	gta cca cca atc cct	cct ttt ctg gga	74581
Arg	Val Leu Ala Lys Met	Val Pro Pro Ile Pro	Pro Phe Leu Gly	
13325	13330	13335		
gcc	aac cac cac gca act	ata cgc caa ccc gtt	gcc tac cat gta	74626
Ala	Asn His His Ala Thr	Ile Arg Gln Pro Val	Ala Tyr His Val	
13340	13345	13350		
acg	cat agt aag tcg gat	ttt aat act ctt aca	tat tct ctt ctt	74671
Thr	His Ser Lys Ser Asp	Phe Asn Thr Leu Thr	Tyr Ser Leu Leu	
13355	13360	13365		
gga	ggg tat ttt aag ttt	aca cca ata tct ctt	aca cat caa cta	74716
Gly	Gly Tyr Phe Lys Phe	Thr Pro Ile Ser Leu	Thr His Gln Leu	
13370	13375	13380		
cga	acg gga ttt cac ccc	ggg att gcc ttt acc	gta gtg cgc cag	74761
Arg	Thr Gly Phe His Pro	Gly Ile Ala Phe Thr	Val Val Arg Gln	
13385	13390	13395		
gat	cgc ttt gcc aca gag	caa ctt tta tat gcc	gag cgt gct tct	74806
Asp	Arg Phe Ala Thr Glu	Gln Leu Leu Tyr Ala	Glu Arg Ala Ser	
13400	13405	13410		
gaa	tcg tac ttt gtc gga	caa atc caa gta cac	cat cat gat gct	74851
Glu	Ser Tyr Phe Val Gly	Gln Ile Gln Val His	His His Asp Ala	
13415	13420	13425		
att	ggg ggg gta aac ttt	acc cta acc caa ccc	aga gct cac gtg	74896
Ile	Gly Gly Val Asn Phe	Thr Leu Thr Gln Pro	Arg Ala His Val	
13430	13435	13440		
gac	ctg gga gtc ggg tat	aca gct gta tgt gcc	aca gca gcc ctg	74941
Asp	Leu Gly Val Gly Tyr	Thr Ala Val Cys Ala	Thr Ala Ala Leu	
13445	13450	13455		
cga	tgc cct ctc acg gat	atg ggc aat act gcc	caa aat ctt ttt	74986
Arg	Cys Pro Leu Thr Asp	Met Gly Asn Thr Ala	Gln Asn Leu Phe	
13460	13465	13470		
ttt	tca cga gga gga gtg	cca atg tta cat gat	aac gtt acc gaa	75031
Phe	Ser Arg Gly Gly Val	Pro Met Leu His Asp	Asn Val Thr Glu	
13475	13480	13485		

tcg	ttt cgt cgt ata aca	gca tcg ggg ggt cgc	tta aat ccc acc	75076
Ser	Leu Arg Arg Ile Thr	Ala Ser Gly Gly Arg	Leu Asn Pro Thr	
13490	13495	13500		
gaa	ccc cta ccc atc ttc	ggc gga cta cgt cct	gct aca tcg gca	75121
Glu	Pro Leu Pro Ile Phe	Gly Gly Leu Arg Pro	Ala Thr Ser Ala	
13505	13510	13515		
gga	att gca cga ggg caa	gcc tct gtg tgt gag	ttt gtg gcc atg	75166
Gly	Ile Ala Arg Gly Gln	Ala Ser Val Cys Glu	Phe Val Ala Met	
13520	13525	13530		
ccg	gtg tcc act gac cta	caa tat ttt aga act	gca tgc aat cct	75211
Pro	Val Ser Thr Asp Leu	Gln Tyr Phe Arg Thr	Ala Cys Asn Pro	
13535	13540	13545		
aga	ggt cga gca tct gga	atg tta tat atg ggt	gac cgt gac gcc	75256
Arg	Gly Arg Ala Ser Gly	Met Leu Tyr Met Gly	Asp Arg Asp Ala	
13550	13555	13560		
gac	ata gag gct ata atg	ttt gat cac aca caa	tcg gat gtt gct	75301
Asp	Ile Glu Ala Ile Met	Phe Asp His Thr Gln	Ser Asp Val Ala	
13565	13570	13575		
tat	aca gat cga gca act	ctt aac cca tgg gca	tca caa aaa cat	75346
Tyr	Thr Asp Arg Ala Thr	Leu Asn Pro Trp Ala	Ser Gln Lys His	
13580	13585	13590		
tca	tac ggt gac agg cta	tac aac gga aca tac	aac ctt aca ggc	75391
Ser	Tyr Gly Asp Arg Leu	Tyr Asn Gly Thr Tyr	Asn Leu Thr Gly	
13595	13600	13605		
gct	tct cct atc tac agc	cca tgc ttt aag ttt	ttt aca cca gcg	75436
Ala	Ser Pro Ile Tyr Ser	Pro Cys Phe Lys Phe	Phe Thr Pro Ala	
13610	13615	13620		
gag	gtt aac act aat tgt	aat aca ctg gat cgg	ctt cta atg gag	75481
Glu	Val Asn Thr Asn Cys	Asn Thr Leu Asp Arg	Leu Leu Met Glu	
13625	13630	13635		
gca	aag gct gtg gcg tcg	caa agc tcc acc gac	act gaa tat caa	75526
Ala	Lys Ala Val Ala Ser	Gln Ser Ser Thr Asp	Thr Glu Tyr Gln	
13640	13645	13650		
ttt	aaa cgc cct ccc ggt	tct acc gaa atg aca	cag gat ccg tgt	75571
Phe	Lys Arg Pro Pro Gly	Ser Thr Glu Met Thr	Gln Asp Pro Cys	
13655	13660	13665		
ggc	ctt ttt caa gaa gca	tat cca cca cta tgc	tca agc gat gcg	75616

Gly	Leu	Phe	Gln	Glu	Ala	Tyr	Pro	Pro	Leu	Cys	Ser	Ser	Asp	Ala		
13670					13675					13680						
gcc	atg	tta	cga	acg	gct	cac	gcg	gga	gaa	acc	ggg	gca	gat	gaa	75661	
Ala	Met	Leu	Arg	Thr	Ala	His	Ala	Gly	Glu	Thr	Gly	Ala	Asp	Glu		
13685					13690					13695						
gtt	cac	tta	gcc	caa	tat	ctg	att	cga	gac	gcg	tcg	ccc	ctt	agg	75706	
Val	His	Leu	Ala	Gln	Tyr	Leu	Ile	Arg	Asp	Ala	Ser	Pro	Leu	Arg		
13700					13705					13710						
gga	tgt	ctt	cct	ctt	ccg	cga	taa	tttcaccacg	cccacatacc						75750	
Gly	Cys	Leu	Pro	Leu	Pro	Arg										
13715					13720											
cactccaat	aaaagccctg	tagagcgcat	tggcatctta	cttgagattt	ggatacgc	tc									75810	
ggccgacttg	gtctgtttca	cgcttcctta	aacaac	atg	gct	atg	cca	ttt	gag						75864	
				Met	Ala	Met	Pro	Phe	Glu							
								13725								
ata	gag	gta	ttg	tta	cca	gga	gaa	cta	tcc	ccg	gcg	gaa	aca	tct	75909	
Ile	Glu	Val	Leu	Leu	Pro	Gly	Glu	Leu	Ser	Pro	Ala	Glu	Thr	Ser		
13730					13735								13740			
gca	tta	cag	aaa	tgt	gag	gga	aaa	att	att	acc	ttc	tca	acc	ctg	75954	
Ala	Leu	Gln	Lys	Cys	Glu	Gly	Lys	Ile	Ile	Thr	Phe	Ser	Thr	Leu		
13745					13750								13755			
cgt	cat	cga	gct	tca	ctg	gtg	gat	ata	gcg	ctg	tcg	tca	tat	tac	75999	
Arg	His	Arg	Ala	Ser	Leu	Val	Asp	Ile	Ala	Leu	Ser	Ser	Tyr	Tyr		
13760					13765								13770			
att	aac	ggt	gct	cca	cca	gac	acg	ctc	tcg	ctg	tta	gag	gca	tac	76044	
Ile	Asn	Gly	Ala	Pro	Pro	Asp	Thr	Leu	Ser	Leu	Leu	Glu	Ala	Tyr		
13775					13780								13785			
cga	atg	cga	ttc	gcf	gca	gtt	ata	aca	cgg	gtc	atc	ccg	gga	aag	76089	
Arg	Met	Arg	Phe	Ala	Ala	Val	Ile	Thr	Arg	Val	Ile	Pro	Gly	Lys		
13790					13795								13800			
ttg	ttg	gcf	cat	gcc	att	ggc	gtg	ggt	act	cct	aca	ccc	ggg	ttg	76134	
Leu	Leu	Ala	His	Ala	Ile	Gly	Val	Gly	Thr	Pro	Thr	Pro	Gly	Leu		
13805					13810								13815			
ttt	att	caa	aat	aca	tcc	ccc	gtt	gat	ctt	tgt	aat	ggc	gat	tac	76179	
Phe	Ile	Gln	Asn	Thr	Ser	Pro	Val	Asp	Leu	Cys	Asn	Gly	Asp	Tyr		
13820					13825								13830			
atc	tgc	tta	ctt	cct	ccg	gtt	ttc	ggg	tcc	gca	gac	tca	att	cgc	76224	

Ile	Cys	Leu	Leu	Pro	Pro	Val	Phe	Gly	Ser	Ala	Asp	Ser	Ile	Arg	
13835						13840						13845			
ttg	gac	tct	gta	gga	ctg	gaa	att	gtt	ttc	cct	tta	acc	atc	ccc	76269
Leu	Asp	Ser	Val	Gly	Leu	Glu	Ile	Val	Phe	Pro	Leu	Thr	Ile	Pro	
13850						13855						13860			
cag	acc	tta	atg	cga	gaa	atc	atc	gcc	aaa	gtg	gtt	gca	cgg	gcc	76314
Gln	Thr	Leu	Met	Arg	Glu	Ile	Ile	Ala	Lys	Val	Val	Ala	Arg	Ala	
13865						13870						13875			
gtt	gag	cgc	acg	gcc	gcg	ggt	gct	caa	att	tta	ccc	cac	gaa	gtt	76359
Val	Glu	Arg	Thr	Ala	Ala	Gly	Ala	Gln	Ile	Leu	Pro	His	Glu	Val	
13880						13885						13890			
cta	cga	ggc	gcg	gat	gtc	att	tgt	tac	aat	gga	agg	cgt	tat	gaa	76404
Leu	Arg	Gly	Ala	Asp	Val	Ile	Cys	Tyr	Asn	Gly	Arg	Arg	Tyr	Glu	
13895						13900						13905			
ctc	gaa	aca	aat	tta	caa	cat	cgg	gac	gga	tcg	gat	gcg	gct	att	76449
Leu	Glu	Thr	Asn	Leu	Gln	His	Arg	Asp	Gly	Ser	Asp	Ala	Ala	Ile	
13910						13915						13920			
cgc	aca	ttg	gtt	tta	aat	cta	atg	ttt	tcc	ata	aac	gag	gga	tgt	76494
Arg	Thr	Leu	Val	Leu	Asn	Leu	Met	Phe	Ser	Ile	Asn	Glu	Gly	Cys	
13925						13930						13935			
ctg	ctt	tta	ttg	gcg	ctg	att	cca	act	ttg	tta	gtc	caa	gga	gca	76539
Leu	Leu	Leu	Leu	Ala	Leu	Ile	Pro	Thr	Leu	Leu	Val	Gln	Gly	Ala	
13940						13945						13950			
cac	gac	ggt	tat	gta	aat	tta	ttg	ata	caa	acg	gcc	aat	tgc	gtt	76584
His	Asp	Gly	Tyr	Val	Asn	Leu	Leu	Ile	Gln	Thr	Ala	Asn	Cys	Val	
13955						13960						13965			
aga	gaa	acc	ggc	cag	tta	att	aat	ata	ccg	cca	atg	ccg	cg	att	76629
Arg	Glu	Thr	Gly	Gln	Leu	Ile	Asn	Ile	Pro	Pro	Met	Pro	Arg	Ile	
13970						13975						13980			
caa	gac	ggc	cat	cgc	cga	ttt	ccc	ata	tat	gaa	act	att	tca	tct	76674
Gln	Asp	Gly	His	Arg	Arg	Phe	Pro	Ile	Tyr	Glu	Thr	Ile	Ser	Ser	
13985						13990						13995			
tgg	ata	tca	aca	tca	tct	aga	ctg	ggg	gat	acc	ttg	gga	act	cgc	76719
Trp	Ile	Ser	Thr	Ser	Ser	Arg	Leu	Gly	Asp	Thr	Leu	Gly	Thr	Arg	
14000						14005						14010			
gca	att	tta	cgc	gtc	tgt	gtg	ttt	gat	gga	ccc	tct	act	gtt	cat	76764
Ala	Ile	Leu	Arg	Val	Cys	Val	Phe	Asp	Gly	Pro	Ser	Thr	Val	His	
14015						14020						14025			

ccg gga gac	cgc acg gcc gtg att	caa gtg taa acaggttta	76807
Pro Gly Asp	Arg Thr Ala Val Ile	Gln Val	
14030	14035		
ataaaaaacac aaccagtcta gttacatttc acgcgtcttg ttttatTTTA ataggcataa			76867
acacggAACc cggatacat gaactGCCAA tatacacGGA cataattaat gcaaccatca			76927
gatcatCTGA cattgttccc gtggTACCTT tacCCGTGA agTTTTGTG tCTAGATTAC			76987
ccataACCcC tttaattacc tctgtcaggt tatccaactg tttacataga tactccacGG			77047
ggTCTACACC taactttact gttaggGATA caagCTCCTG tgaggctatt atattCCGG			77107
agttaaATCG tttaacaAAA tagtctacGG ccggcgTTT ttgttttGT aataaaaaAA			77167
aagggtacGC cacgctacat ccgggaggTA tggaatGATA aaacAGTAAC actggagcGG			77227
aagatAGCAC gttccCTT tcgaggacAG caaactgtTG tgctatAGCC aacgataTGG			77287
caactgcAGA atcctggCTG ctgtttccCT ctatAGAAAC gtgtacGTT gtAAATgtAT			77347
tgggtgtAA agcgagtATG tggcctaAGC attgagtaAC gcaacGCCCT atctcactGG			77407
aagacgtGCC agttAAAGCT ctaAGAAAAGT gctccAA tccAAatATA atccaatCCG			77467
acttataACG accaacaATC gctacaccAG taccAGACG tcgtgtATT gaggtAAATG			77527
cagggtctAC gtaaacgtAC aacactgACG ataataTAGC acaattcGCA acggTTGACG			77587
GCCGATAAA aataaacCTC tcacggcAG ttttGTAaa taatggCCGG tcaaaccCca			77647
cacccccAGA attctgttA cgcccaccta caatttcCTG cacgaaggAG tcggccataA			77707
ataaaatCTGC agtgcGCCGc atggctccat ccattgtGAT gaaaaccGGC ttatTTAATA			77767
cataacacGA acaagctGTG acatcgCTAT gtGCTAAAC acgcggCATG tgatcgtcGC			77827
atacatatGT aacaacgttt aacaactgat ccgacgatcc acgtaagtta tacaaaaAAAC			77887
ttgtacttGC tttccggTA tttgttgatG aaacaaaaAT aatttacAA ttggTTGAT			77947
ttaaaaatCC gactatAGTT tgtacAGCAT caggtcGAAT aaaattAGCT tcAtCCACAA			78007
acagaagATT aaaatCTTGA cctcgGatac cctggAACGA tagAAAGATA tatAGTTAC			78067
ccaccaAAgt ttaaatgtAT ccttaaatac cacgtacGTA AAAAATGTTT gaatacgtAC			78127
atatttCTT ttttttCCA gtacaaccAT atccggTGA TA ATG GAA GCC CAT			78181

			Met	Glu	Ala	His	
							14040
ttg gca aat gaa Leu Ala Asn Glu 14045	acc aaa cat gca ctt Thr Lys His Ala Leu 14050	tgg cat aat gat cac Trp His Asn Asp His 14055					78226
aaa gga tta cta Lys Gly Leu Leu 14060	cac gtt gtg ata cct His Val Val Ile Pro 14065	aac gcg ggg ctt att Asn Ala Gly Leu Ile 14070					78271
gcc gga ata gat Ala Gly Ile Asp 14075	ccc gca tta ctg att Pro Ala Leu Leu Ile 14080	tta aag aaa ccc gga Leu Lys Lys Pro Gly 14085					78316
cgc ttc aag gtt Arg Phe Lys Val 14090	gaa gta caa aca aga Glu Val Gln Thr Arg 14095	tat cat gct aca ggt Tyr His Ala Thr Gly 14100					78361
tgc gaa ccg tgg Cys Glu Pro Trp 14105	tgt caa gtt ttc gcc Cys Gln Val Phe Ala 14110	gcg tac att ccc gat Ala Tyr Ile Pro Asp 14115					78406
gcc tta aca aat Ala Leu Thr Asn 14120	ctc tta ata cca aaa Leu Leu Ile Pro Lys 14125	acg gaa cca ttt gtt Thr Glu Pro Phe Val 14130					78451
cac gtt ttt tcg His Val Phe Ser 14135	gcc acg cat aat tca Ala Thr His Asn Ser 14140	ggg gga ttg att tta Gly Gly Leu Ile Leu 14145					78496
ttg cct gtt tat Leu Pro Val Tyr 14150	ctt agc ccc ggt tta Leu Ser Pro Gly Leu 14155	ttc ttt gat gca ttt Phe Phe Asp Ala Phe 14160					78541
gtt gta gcg ata Val Val Ala Ile 14165	cga ata aat act gga Arg Ile Asn Thr Gly 14170	aac cgc aag cac cgt Asn Arg Lys His Arg 14175					78586
att tgt att atg Ile Cys Ile Met 14180	tat gca gaa cta atc Tyr Ala Glu Leu Ile 14185	cca aac gga acg cgt Pro Asn Gly Thr Arg 14190					78631
ttt gct gat gga Phe Ala Asp Gly 14195	caa cgg gta ctt tta Gln Arg Val Leu Leu 14200	tta tgc aaa cag ctg Leu Cys Lys Gln Leu 14205					78676
gcg tat atc cga Ala Tyr Ile Arg 14210	tgc acc cct cgt ctt Cys Thr Pro Arg Leu 14215	gca tcg tct ata aaa Ala Ser Ser Ile Lys 14220					78721

tac gca gag cat	atg gtg gca gcc atg	ggt gaa tca cac acg	tca	78766
Tyr Ala Glu His	Met Val Ala Ala Met	Gly Glu Ser His Thr	Ser	
14225	14230	14235		
aat ggg gac aat	att gga ccc gtt tca	tcc ata atc gat ctt	gat	78811
Asn Gly Asp Asn	Ile Gly Pro Val Ser	Ser Ile Ile Asp Leu	Asp	
14240	14245	14250		
cga cag tta act	tct gga ggt att gat	gac tcc cct gct gaa	aca	78856
Arg Gln Leu Thr	Ser Gly Gly Ile Asp	Asp Ser Pro Ala Glu	Thr	
14255	14260	14265		
cgc ata cag gaa	aat aat cgg gac gtc	ctt gag cta ata aaa	cgg	78901
Arg Ile Gln Glu	Asn Asn Arg Asp Val	Leu Glu Leu Ile Lys	Arg	
14270	14275	14280		
gcc gta aac att	gtt aac tcc agg cac	ccc gtc cga cct tct	agt	78946
Ala Val Asn Ile	Val Asn Ser Arg His	Pro Val Arg Pro Ser	Ser	
14285	14290	14295		
tcc cgc gtt gca	tct ggg ttg ctt caa	agt gca aag ggc cac	gga	78991
Ser Arg Val Ala	Ser Gly Leu Leu Gln	Ser Ala Lys Gly His	Gly	
14300	14305	14310		
gcg caa act tcc	aac aca gat ccg atc	aat aac ggt tcc ttt	gat	79036
Ala Gln Thr Ser	Asn Thr Asp Pro Ile	Asn Asn Gly Ser Phe	Asp	
14315	14320	14325		
ggc gtc ctt gag	ccg cct gga caa ggg	cga ttt acg gga aag	aaa	79081
Gly Val Leu Glu	Pro Pro Gly Gln Gly	Arg Phe Thr Gly Lys	Lys	
14330	14335	14340		
aac aat tcg tcc	gcc agc atc cca cct	tta caa gac gtt cta	ttg	79126
Asn Asn Ser Ser	Ala Ser Ile Pro Pro	Leu Gln Asp Val Leu	Leu	
14345	14350	14355		
ttt acc cca gct	tcg aca gaa ccc caa	agt ctt atg gaa tgg	ttc	79171
Phe Thr Pro Ala	Ser Thr Glu Pro Gln	Ser Leu Met Glu Trp	Phe	
14360	14365	14370		
gac atc tgt tat	gcc caa tta gtt agc	ggg gac act cca gca	gat	79216
Asp Ile Cys Tyr	Ala Gln Leu Val Ser	Gly Asp Thr Pro Ala	Asp	
14375	14380	14385		
ttc tgg aaa cgg	cgt ccc cta tca att	gta ccg cga cat tac	gca	79261
Phe Trp Lys Arg	Arg Pro Leu Ser Ile	Val Pro Arg His Tyr	Ala	
14390	14395	14400		
gaa tcc ccc agt	ccg ttg att gta gta	tct tac aac gga tcc	tct	79306

Glu	Ser	Pro	Ser	Pro	Leu	Ile	Val	Val	Ser	Tyr	Asn	Gly	Ser	Ser	
				14405			14410					14415			
gcc	tgg	gga	gga	cgt	att	acc	gga	agt	cca	att	tta	tat	cac	tct	79351
Ala	Trp	Gly	Gly	Arg	Ile	Thr	Gly	Ser	Pro	Ile	Leu	Tyr	His	Ser	
				14420			14425					14430			
gca	cag	gct	att	att	gat	gct	gcg	tgt	ata	aat	gcc	cgg	gtt	gac	79396
Ala	Gln	Ala	Ile	Ile	Asp	Ala	Ala	Cys	Ile	Asn	Ala	Arg	Val	Asp	
				14435			14440					14445			
aat	ccc	caa	agc	cta	cat	gtg	aca	gct	cgc	caa	gag	cta	gtc	gcg	79441
Asn	Pro	Gln	Ser	Leu	His	Val	Thr	Ala	Arg	Gln	Glu	Leu	Val	Ala	
				14450			14455					14460			
cgt	tta	ccg	ttt	ttg	gct	aac	gtc	cta	aat	aat	caa	acc	ccc	tta	79486
Arg	Leu	Pro	Phe	Leu	Ala	Asn	Val	Leu	Asn	Asn	Gln	Thr	Pro	Leu	
				14465			14470					14475			
ccc	gcc	ttt	aaa	cca	ggc	gcc	gaa	atg	ttt	tta	aac	cag	gtt	ttt	79531
Pro	Ala	Phe	Lys	Pro	Gly	Ala	Glu	Met	Phe	Leu	Asn	Gln	Val	Phe	
				14480			14485					14490			
aaa	caa	gcg	tgt	gtg	aca	tcg	cta	acc	caa	ggt	ctt	ata	acg	gag	79576
Lys	Gln	Ala	Cys	Val	Thr	Ser	Leu	Thr	Gln	Gly	Leu	Ile	Thr	Glu	
				14495			14500					14505			
tta	caa	acg	aac	ccg	act	cta	caa	caa	ctc	atg	gaa	tat	gat	att	79621
Leu	Gln	Thr	Asn	Pro	Thr	Leu	Gln	Gln	Leu	Met	Glu	Tyr	Asp	Ile	.
				14510			14515					14520			
gca	gat	tct	tcc	caa	acg	gtt	att	gat	gaa	att	gta	gcc	cgc	aca	79666
Ala	Asp	Ser	Ser	Gln	Thr	Val	Ile	Asp	Glu	Ile	Val	Ala	Arg	Thr	
				14525			14530					14535			
cca	gac	ctg	att	cag	act	ata	gtt	tcg	gtg	tta	acg	gaa	atg	tca	79711
Pro	Asp	Leu	Ile	Gln	Thr	Ile	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Glu	Met	Ser	
				14540			14545					14550			
atg	gat	gcg	ttt	tat	aac	agc	tcc	ttg	atg	tat	gcg	gtt	ttg	gcg	79756
Met	Asp	Ala	Phe	Tyr	Asn	Ser	Ser	Leu	Met	Tyr	Ala	Val	Leu	Ala	
				14555			14560					14565			
tat	ctg	tca	tct	gta	tat	aca	cga	cca	caa	ggt	ggg	ggg	tat	ata	79801
Tyr	Leu	Ser	Ser	Val	Tyr	Thr	Arg	Pro	Gln	Gly	Gly	Gly	Tyr	Ile	
				14570			14575					14580			
ccc	tac	ctt	cac	gct	tcc	ttc	cca	tgc	tgg	tta	ggt	aat	cgt	tct	79846
Pro	Tyr	Leu	His	Ala	Ser	Phe	Pro	Cys	Trp	Leu	Gly	Asn	Arg	Ser	
				14585			14590					14595			

ata tat tta ttt gac tat tat aat tca gga ggg gaa ata ctt aag 79891  
 Ile Tyr Leu Phe Asp Tyr Tyr Asn Ser Gly Gly Glu Ile Leu Lys  
 14600 14605 14610  
  
 ctt tcc aag gtc ccc gtt ccc gta gcc tta gaa aag gtt ggt att 79936  
 Leu Ser Lys Val Pro Val Pro Val Ala Leu Glu Lys Val Gly Ile  
 14615 14620 14625  
  
 ggt aat tcc aca caa ctg agg ggt aaa ttt ata cgc agc gcg gat 79981  
 Gly Asn Ser Thr Gln Leu Arg Gly Lys Phe Ile Arg Ser Ala Asp  
 14630 14635 14640  
  
 att gtt gat att gga att tgt tct aag tat tta ccc ggt caa tgt 80026  
 Ile Val Asp Ile Gly Ile Cys Ser Lys Tyr Leu Pro Gly Gln Cys  
 14645 14650 14655  
  
 tac gcg tac att tgt cta gga ttt aac cag caa tta caa tcc att 80071  
 Tyr Ala Tyr Ile Cys Leu Gly Phe Asn Gln Gln Leu Gln Ser Ile  
 14660 14665 14670  
  
 tta gtt tta ccg ggg gga ttt gcg gca tgt ttt tgt att acc gat 80116  
 Leu Val Leu Pro Gly Gly Phe Ala Ala Cys Phe Cys Ile Thr Asp  
 14675 14680 14685  
  
 acc cta cag gca gca cta cct gca tcg tta atc gga cct att cta 80161  
 Thr Leu Gln Ala Ala Leu Pro Ala Ser Leu Ile Gly Pro Ile Leu  
 14690 14695 14700  
  
 gac aga ttc tgc ttc tct att ccc aac ccc cat aaa taa 80200  
 Asp Arg Phe Cys Phe Ser Ile Pro Asn Pro His Lys  
 14705 14710  
  
 attagtgtca ctataaaaac ataacaccag aatctttca tatgtattt tacgtcattt 80260  
  
 ctcccgttc caccctct taaaatataa aataaccggg tgggtggcat taaacccaca 80320  
  
 agtacccggg cggcaatccg ctagactgtt ttctgctc atg gaa tta caa cgc 80374  
 Met Glu Leu Gln Arg  
 14715  
  
 ata ttt ccg ctg tac acc gct acg ggt gca gcg cgc aaa tta acc 80419  
 Ile Phe Pro Leu Tyr Thr Ala Thr Gly Ala Ala Arg Lys Leu Thr  
 14720 14725 14730  
  
 ccc gag gca gtt cag aga ctc tgc gat gca tta acg ctg gat atg 80464  
 Pro Glu Ala Val Gln Arg Leu Cys Asp Ala Leu Thr Leu Asp Met  
 14735 14740 14745  
  
 gga tta tgg aag tcc atc ctg acc gat ccc cggt gtg aaa ata atg 80509

Gly	Leu	Trp	Lys	Ser	Ile	Leu	Thr	Asp	Pro	Arg	Val	Lys	Ile	Met	
14750						14755						14760			
cga	tca	act	gct	ttt	ata	act	tta	agg	atc	gct	ccg	ttt	atc	ccc	80554
Arg	Ser	Thr	Ala	Phe	Ile	Thr	Leu	Arg	Ile	Ala	Pro	Phe	Ile	Pro	
14765						14770						14775			
ctt	caa	acg	gat	act	act	aat	att	gcc	gtt	gtt	gta	gcc	aca	att	80599
Leu	Gln	Thr	Asp	Thr	Thr	Asn	Ile	Ala	Val	Val	Val	Ala	Thr	Ile	
14780						14785						14790			
tac	atc	acg	cgc	cca	cgt	cag	atg	aac	tta	cct	ccg	aag	act	ttt	80644
Tyr	Ile	Thr	Arg	Pro	Arg	Gln	Met	Asn	Leu	Pro	Pro	Lys	Thr	Phe	
14795						14800						14805			
cat	gta	att	gta	aat	ttt	aat	tac	gag	gtc	tcg	tac	gca	atg	acg	80689
His	Val	Ile	Val	Asn	Phe	Asn	Tyr	Glu	Val	Ser	Tyr	Ala	Met	Thr	
14810						14815						14820			
gcg	act	tta	aga	att	tat	ccg	gtt	gaa	aac	ata	gac	cat	gtt	ttt	80734
Ala	Thr	Leu	Arg	Ile	Tyr	Pro	Val	Glu	Asn	Ile	Asp	His	Val	Phe	
14825						14830						14835			
gga	gca	acg	ttt	aag	aac	ccg	atc	gcg	tac	ccc	ttt	cca	aca	tct	80779
Gly	Ala	Thr	Phe	Lys	Asn	Pro	Ile	Ala	Tyr	Pro	Leu	Pro	Thr	Ser	
14840						14845						14850			
att	ccg	gat	cct	cga	gca	gat	ccc	acc	ccc	gca	gat	ctt	aca	cca	80824
Ile	Pro	Asp	Pro	Arg	Ala	Asp	Pro	Thr	Pro	Ala	Asp	Leu	Thr	Pro	
14855						14860						14865			
acg	cca	aac	tta	agc	aac	tac	tta	caa	ccc	ccg	cg	ctt	ccg	aaa	80869
Thr	Pro	Asn	Leu	Ser	Asn	Tyr	Leu	Gln	Pro	Pro	Arg	Leu	Pro	Lys	
14870						14875						14880			
aat	cca	tac	gca	tgt	aaa	gtt	att	tct	ccg	gga	gt	tgg	tgg	tca	80914
Asn	Pro	Tyr	Ala	Cys	Lys	Val	Ile	Ser	Pro	Gly	Val	Trp	Trp	Ser	
14885						14890						14895			
gac	gaa	cga	agg	cgt	tta	tat	gta	ctg	gct	atg	gaa	cct	aat	tta	80959
Asp	Glu	Arg	Arg	Arg	Leu	Tyr	Val	Leu	Ala	Met	Glu	Pro	Asn	Leu	
14900						14905						14910			
ata	ggg	cta	tgt	ccc	gcc	gga	tgg	cat	gct	cg	ata	ctt	ggc	tct	81004
Ile	Gly	Leu	Cys	Pro	Ala	Gly	Trp	His	Ala	Arg	Ile	Leu	Gly	Ser	
14915						14920						14925			
gta	tta	aat	cga	ctc	ctc	agc	cat	gcg	gac	gga	tgt	gat	gaa	tgt	81049
Val	Leu	Asn	Arg	Leu	Leu	Ser	His	Ala	Asp	Gly	Cys	Asp	Glu	Cys	
14930						14935						14940			

aat cat	aga gtt cac gtg ggg	gca ctg tat gcg tta	ccc cat gtc	81094
Asn His	Arg Val His Val Gly	Ala Leu Tyr Ala Leu	Pro His Val	
14945	14950	14955		
aca aat	cat gcg gaa ggt tgt	gtg tgt tgg gct ccg	tgt atg tgg	81139
Thr Asn	His Ala Glu Gly Cys	Val Cys Trp Ala Pro	Cys Met Trp	
14960	14965	14970		
aga aag	gcc ggt cag cg <sub>g</sub> gaa	tta aaa gtg gag gta	gac att ggc	81184
Arg Lys	Ala Gly Gln Arg Glu	Leu Lys Val Glu Val	Asp Ile Gly	
14975	14980	14985		
gcc acg	cag gtt ctt ttt gta	gat gtc acc acc tgc	att cga att	81229
Ala Thr	Gln Val Leu Phe Val	Asp Val Thr Thr Cys	Ile Arg Ile	
14990	14995	15000		
acg agt	act aaa aat cct cgc	att acc gca aat ctt	ggc gac gtt	81274
Thr Ser	Thr Lys Asn Pro Arg	Ile Thr Ala Asn Leu	Gly Asp Val	
15005	15010	15015		
ata gcg	gga acc aac gcc agt	ggt ctc tct gta cca	gta aat tca	81319
Ile Ala	Gly Thr Asn Ala Ser	Gly Leu Ser Val Pro	Val Asn Ser	
15020	15025	15030		
tct ggg	tgg cag ctt tat atg	ttt gga gaa aca tta	agc cg <sub>g</sub> gct	81364
Ser Gly	Trp Gln Leu Tyr Met	Phe Gly Glu Thr Leu	Ser Arg Ala	
15035	15040	15045		
att att	aac ggc tgt ggt ctg	ctt cag cga att tgc	ttc ccc gag	81409
Ile Ile	Asn Gly Cys Gly Leu	Leu Gln Arg Ile Cys	Phe Pro Glu	
15050	15055	15060		
aca caa	aga tta tcg ggt gaa	ccg gaa cct aca acc	acc tag	81451
Thr Gln	Arg Leu Ser Gly Glu	Pro Glu Pro Thr Thr	Thr	
15065	15070	15075		
tataccttaa ctcaaccgcc gttgtggaaa ggtatatgtc aacatttaca gtaatatatt 81511				
aaaggtaaaa ttataaaaac actcacgttt gtgttgtgac ttgacgcgaa caccgctgtg 81571				
ctgtaagacc cgtcggtaaa tgaaaacgta atagattcgc ctttacatg atccacgtaa 81631				
tttgccccaa accactgttc caggcgagac ttgataccct caaacacggg ttccgttgct 81691				
ttgcgtatat gagccgtata acccacttta attcctctaa acgtggccat tactaaagct 81751				
attaatggta caagaaacca tgtttccca tgtctacgtg gtacaaaaaa cacagttgat 81811				
tttggtaa agtggtaaa aacactgtca gaaacacttg gcgtgtaaa cactgtacgc 81871				



Val	Glu	Gln	Lys	Ile	Arg	Asp	Ile	Gln	Ser	Lys	Val	Glu	Glu	Gln	
15150						15155					15160				
aca	agt	att	caa	cag	att	tta	aat	aca	aac	aga	cgc	tat	ata	gca	83027
Thr	Ser	Ile	Gln	Gln	Ile	Leu	Asn	Thr	Asn	Arg	Arg	Tyr	Ile	Ala	
15165						15170					15175				
ccc	gat	ttt	att	cgc	ggt	ttg	gat	aaa	aca	gaa	gac	gat	aat	acc	83072
Pro	Asp	Phe	Ile	Arg	Gly	Leu	Asp	Lys	Thr	Glu	Asp	Asp	Asn	Thr	
15180						15185					15190				
gat	aat	ata	gac	aga	ctg	gaa	gac	gcg	gta	gga	ccg	aac	atc	gaa	83117
Asp	Asn	Ile	Asp	Arg	Leu	Glu	Asp	Ala	Val	Gly	Pro	Asn	Ile	Glu	
15195						15200					15205				
cac	gaa	aat	cat	act	tgg	ttt	gga	gaa	gac	gac	gaa	gcg	tta	ctt	83162
His	Glu	Asn	His	Thr	Trp	Phe	Gly	Glu	Asp	Asp	Glu	Ala	Leu	Leu	
15210						15215					15220				
aca	caa	tgg	atg	ctg	acg	aca	cac	ccc	cca	acc	tcc	aaa	tat	ctc	83207
Thr	Gln	Trp	Met	Leu	Thr	Thr	His	Pro	Pro	Thr	Ser	Lys	Tyr	Leu	
15225						15230					15235				
caa	ctg	cag	gac	ctt	tgc	gtt	ccc	acc	aca	ata	ccg	acg	gac	atg	83252
Gln	Leu	Gln	Asp	Leu	Cys	Val	Pro	Thr	Thr	Ile	Pro	Thr	Asp	Met	
15240						15245					15250				
aac	caa	atg	caa	ccg	cag	ccg	atc	agc	aag	aac	gag	aat	cca	cca	83297
Asn	Gln	Met	Gln	Pro	Gln	Pro	Ile	Ser	Lys	Asn	Glu	Asn	Pro	Pro	
15255						15260					15265				
acc	cca	cac	acg	gat	gtg	taa	atcatccatg	ggccaatccg	tcaactgcaa						83348
Thr	Pro	His	Thr	Asp	Val										
15270						15275									
catgcatgga atcaccagaa cgatcacaaac agacaagctt attttatta aagcacggct															83408
taacgagaga tccaatatat caacgcgaaa gggtgacgt tttccacaa ttacaacaaac															83468
ccccatgggt tttagaatt tccaaattat cccgttaat tgtacccatc ttcacgctca															83528
atgaacagtt atgttttct aaattacaga ttcgagatag acccagggtt gcgggacggg															83588
gaacgtatgg gcgtgttcat atataccat cgtaaaaat agctgtaaaa accatggaca															83648
gtcgtgttt taatagagag ttaattaacg cgattttagc gagtgagggt tctatacag															83708
cagggaaag gctaggtatt tctagcatag ttgcctttt aggttttcg ttacaaacca															83768
aacagctact gttccggca tacgacatgg atatggatga atacattgtt cgcctgtcca															83828

gacggttgac aatacctgat cacatagaca gaaaaattgc ccatgtattt ttagatttg 83888  
 ctcaagcggt gacgtttta aatcgaacgt gcggcctgac ccacctagat gtgaaatgt 83948  
 gcaatattt tcttaacgtc gacaactttg cctcggttgg aataaccaca gcagtaatcg 84008  
 gagactatag cctagtaaca tttaaatacgt attccctttg tactcgagcg atatttgaag 84068  
 ttggaaatcc atcccacccg gagcacgtac tacgcgtacc ccgggatgca tcgcagatgt 84128  
 catttcgtt ggtgttgagt catggaacaa accaaccccc tgaaatcttgc cttgattata 84188  
 ttaatggAAC gggccttact aaatatactg gaaccttgcc ccaaagagtt ggacttgcga 84248  
 ttgatcttta tgcattggc caagcactct tagaagttat cctgcttagga cgtcttcccg 84308  
 gacaactgcc catttcgtta catcgaccc cgccattatca ctactacggt cataagttat 84368  
 caccagattt ggccgttgc acgctggcat atcgatgtgt cctggcgcca tatatactcc 84428  
 catctgacat ccccgccccac tttaaattata atccctttat acacgccga gagctgaaca 84488  
 cccgtatttc ccggaattct ttacgcccga tattccagtg tcacgcagtg cggtacggcg 84548  
 taacgcactc aaagctttc gaaggcatac gcattccggc ctcattatac ccagccactg 84608  
 ttgttacatc gttgttgtgt cacgataatt cagaaatacgt ctcggatcac cctttattt 84666  
 atg gca cga tcg gga ttg gat agg atc gac ata agc ccc cag cca 84711  
 Met Ala Arg Ser Gly Leu Asp Arg Ile Asp Ile Ser Pro Gln Pro  
 15280 15285 15290  
 gcc aaa aaa att gcc cgt gtg gga ggt cta cag cac cct ttt gta 84756  
 Ala Lys Lys Ile Ala Arg Val Gly Gly Leu Gln His Pro Phe Val  
 15295 15300 15305  
 aaa acg gat att aac acg att aac gtt gaa cac cat ttt ata gac 84801  
 Lys Thr Asp Ile Asn Thr Ile Asn Val Glu His His Phe Ile Asp  
 15310 15315 15320  
 acg cta cag aag aca tca ccg aac atg gac tgt cgc ggg atg aca 84846  
 Thr Leu Gln Lys Thr Ser Pro Asn Met Asp Cys Arg Gly Met Thr  
 15325 15330 15335  
 gcg ggt att ttt att cgt tta tcc cac atg tat aaa att cta aca 84891  
 Ala Gly Ile Phe Ile Arg Leu Ser His Met Tyr Lys Ile Leu Thr  
 15340 15345 15350  
 act ctg gag tct cca aat gat gta acc tac aca aca ccc ggt tct 84936

Thr Leu Glu Ser Pro	Asn Asp Val Thr Tyr	Thr Thr Pro Gly Ser	
15355	15360	15365	
acc aac gca ctg ttc	ttt aag acg tcc aca	cag cct cag gag ccg	84981
Thr Asn Ala Leu Phe	Phe Lys Thr Ser Thr	Gln Pro Gln Glu Pro	
15370	15375	15380	
cgt ccg gaa gag tta	gca tcc aaa tta acc	caa gac gac att aaa	85026
Arg Pro Glu Glu Leu	Ala Ser Lys Leu Thr	Gln Asp Asp Ile Lys	
15385	15390	15395	
cgt att cta tta aca	ata gaa tcg gag act	cgt ggt cag ggc gac	85071
Arg Ile Leu Leu Thr	Ile Glu Ser Glu Thr	Arg Gly Gln Gly Asp	
15400	15405	15410	
aat gcc att tgg aca	cta ctc aga cga aat	tta atc acc gca tca	85116
Asn Ala Ile Trp Thr	Leu Leu Arg Arg Asn	Leu Ile Thr Ala Ser	
15415	15420	15425	
act ctt aaa tgg agt	gta tct gga ccc gtc	att cca cct cag tgg	85161
Thr Leu Lys Trp Ser	Val Ser Gly Pro Val	Ile Pro Pro Gln Trp	
15430	15435	15440	
ttt tac cac cat aac	act aca gac aca tac	ggt gat gcg gcg gca	85206
Phe Tyr His His Asn	Thr Thr Asp Thr Tyr	Gly Asp Ala Ala Ala	
15445	15450	15455	
atg gcg ttt gga aaa	acc aac gaa ccg gcg	gca cga gcg ata gtt	85251
Met Ala Phe Gly Lys	Thr Asn Glu Pro Ala	Ala Arg Ala Ile Val	
15460	15465	15470	
gaa gca ttg ttt ata	gat ccg gct gat atc	cgt act cct gat cat	85296
Glu Ala Leu Phe Ile	Asp Pro Ala Asp Ile	Arg Thr Pro Asp His	
15475	15480	15485	
tta acg cca gaa gct	aca act aag ttt ttt	aat ttt gac atg ctc	85341
Leu Thr Pro Glu Ala	Thr Thr Lys Phe Phe	Asn Phe Asp Met Leu	
15490	15495	15500	
aat acc aaa tct cca	agt ctc ctt gtg ggt	aca cca aga atc gga	85386
Asn Thr Lys Ser Pro	Ser Leu Leu Val Gly	Thr Pro Arg Ile Gly	
15505	15510	15515	
acg tat gaa tgt gga	ctt tta atc gac gtt	cga acg gga ctt ata	85431
Thr Tyr Glu Cys Gly	Leu Leu Ile Asp Val	Arg Thr Gly Leu Ile	
15520	15525	15530	
ggc gcg tcg ttg gac	gtt ctt gta tgt gac	agg gac cct tta act	85476
Gly Ala Ser Leu Asp	Val Leu Val Cys Asp	Arg Asp Pro Leu Thr	
15535	15540	15545	

ggc acc cta aat ccc Gly Thr Leu Asn Pro	15550	cac cct gca gaa acc His Pro Ala Glu Thr	15555	gac att tca ttt ttt Asp Ile Ser Phe Phe	15560	85521
gaa att aaa tgt cgt Glu Ile Lys Cys Arg	15565	gct aaa tac ctc ttt Ala Lys Tyr Leu Phe	15570	gat cca gat gac aaa Asp Pro Asp Asp Lys	15575	85566
aat aac ccg ctc ggt Asn Asn Pro Leu Gly	15580	cgg acg tac acc acg Arg Thr Tyr Thr Thr	15585	tta ata aat aga cct Leu Ile Asn Arg Pro	15590	85611
aca atg gca aat cta Thr Met Ala Asn Leu	15595	cgg gac ttt tta tat Arg Asp Phe Leu Tyr	15600	act ata aaa aac cca Thr Ile Lys Asn Pro	15605	85656
tgt gta agc ttc ttt Cys Val Ser Phe Phe	15610	gga ccc tca gca aac Gly Pro Ser Ala Asn	15615	cca agt aca cgc gag Pro Ser Thr Arg Glu	15620	85701
gcc tta ata acg gat Ala Leu Ile Thr Asp	15625	cac gtt gaa tgg aaa His Val Glu Trp Lys	15630	cgt tta gga ttt aaa Arg Leu Gly Phe Lys	15635	85746
ggt ggg agg gcc ctt Gly Gly Arg Ala Leu	15640	aca gaa ctc gac gcc Thr Glu Leu Asp Ala	15645	cat cat ttg ggc ctc His His Leu Gly Leu	15650	85791
aat cgg aca atc tca Asn Arg Thr Ile Ser	15655	tcc cga gtg tgg gta Ser Arg Val Trp Val	15660	ttt aat gat ccg gac Phe Asn Asp Pro Asp	15665	85836
ata caa aag ggg aca Ile Gln Lys Gly Thr	15670	att aca acc att gca Ile Thr Thr Ile Ala	15675	tgg gcc act gga gat Trp Ala Thr Gly Asp	15680	85881
acg gct ctt caa att Thr Ala Leu Gln Ile	15685	cct gta ttt gcc aat Pro Val Phe Ala Asn	15690	ccg cgg cac gct aac Pro Arg His Ala Asn	15695	85926
ttt aaa caa att gcc Phe Lys Gln Ile Ala	15700	gta caa acc tat gta Val Gln Thr Tyr Val	15705	tta tcc ggt tac ttt Leu Ser Gly Tyr Phe	15710	85971
cca gcg cta aaa cta Pro Ala Leu Lys Leu	15715	cgg ccc ttc ctt gtc Arg Pro Phe Leu Val	15720	acc ttt ata gga cgt Thr Phe Ile Gly Arg	15725	86016
gtg cgc cga cca cac		gag gtg gga gtc cca		ttg cgc gtc gat aca		86061

Val	Arg	Arg	Pro	His	Glu	Val	Gly	Val	Pro	Leu	Arg	Val	Asp	Thr	
15730					15735					15740					
caa	gcg	gct	gcc	att	tac	gaa	tat	aac	tgg	ccg	act	atc	cca	ccc	86106
Gln	Ala	Ala	Ala	Ile	Tyr	Glu	Tyr	Asn	Trp	Pro	Thr	Ile	Pro	Pro	
15745					15750					15755					
cac	tgt	gct	gtt	ccg	gtt	ata	gcc	gtt	cta	acg	cct	atc	gaa	gtt	86151
His	Cys	Ala	Val	Pro	Val	Ile	Ala	Val	Leu	Thr	Pro	Ile	Glu	Val	
15760					15765					15770					
gat	gtg	cct	aga	gtg	aca	caa	ata	ctt	aaa	gac	aca	gga	aac	aac	86196
Asp	Val	Pro	Arg	Val	Thr	Gln	Ile	Leu	Lys	Asp	Thr	Gly	Asn	Asn	
15775					15780					15785					
gcg	att	aca	tca	gca	ttg	cgg	tca	ttg	cga	tgg	gac	aat	ctt	cat	86241
Ala	Ile	Thr	Ser	Ala	Leu	Arg	Ser	Leu	Arg	Trp	Asp	Asn	Leu	His	
15790					15795					15800					
cca	gcg	gtc	gag	gag	gaa	tct	gtg	gat	tgt	gca	aac	ggt	aca	acg	86286
Pro	Ala	Val	Glu	Glu	Glu	Ser	Val	Asp	Cys	Ala	Asn	Gly	Thr	Thr	
15805					15810					15815					
agc	ttg	tta	cgt	gca	acg	gag	aaa	ccg	ttg	ctt	tga	actcagagtt			86332
Ser	Leu	Leu	Arg	Ala	Thr	Glu	Lys	Pro	Leu	Leu					
15820					15825										
ctttgaagac	tttgactttg	atgagaatgt	aacagaggac	gccgataaat	ccacacaacg										86392
ccgccccacga	gtgatcgatg	taacacaaa	acgaaaacct	tcggaaaga	gctcccatc										86452
caaatgcgca	aaatgtaaa	ccctgataaa	ccctgataaa	cgttctaata	aaaacatcaa										86512
atcatggttg	gttactgtga	atgtttgtt	tattgcttg	gggttacaa	gtacaaccca										86572
cgctactccc	acccactgtt	tgatcgctcg	tataacagct	catcctcgcg	gtccgttca										86632
tatgttgagt	catttcata	gacgtagccg	tagccttgt	atggtaatt	tgtgcggcga										86692
gaatttctat	gtgcaggtt	tactttcgt	atgtatcccc	gtacccgctc	gggtactctt										86752
cttacggcac	cgtagaaccg	actgcgttc	tgtcgatgat	acacatatgc	acgcataat										86812
ctgagaagca	acatgacaac	ggaaaacacg	gccaggcaag	ccaaggttcc	ccgagttgt										86872
ggaattaacc	gtggagattg	aaccgatata	gggtcatata	atcggtccat	atacgagtgc										86932
gcggcggttc	ccaacgtac	acaggccacg	agcgttccca	gggacggtcc	tattaacacg										86992
tgtatataat	gcgccaaaat	taattctgat	actataagat	atacaactga	caatgtacta										87052

aatgtagaca tggccacgga caccgatgac cacagtcccg tatgttagatg attcgccacc 87112  
 acaagttcca gcattaatga tacaaatagg atacatatcg ccatcaacgc agccatcaa 87172  
 ttcacgaaca ctgcgcgcgt aggccccgca aggcgatata aaaagacgct ctgctgtcgt 87232  
 aaatttgcga ccgcgttat gttcggttcg tccaattttc cgccgtccaca aaaatacg 87292  
 gtaaatatta cacttgcgc aaaatgtcca agatataatg tagcagccac gccgatttg 87352  
 ttgttaagcta ataataaacac aacggcggtt aataaccaca atgacaaaag accccaaaaa 87412  
 agtgttgtgg gatctacaac taaccatgca acaccggagc tttgccggac acgttgattt 87472  
 ttcgtttctc ggtgtataat cgccggccgtg atcagtgtat ataccgcat ggccattgcc 87532  
 gttaaagccg tgttagtaagt aaatgccaca acgctatgtg gttccaaaaa caaaaccggg 87592  
 gcgctgtatc cacccttatt tccggaccat acccccccatt ctagggtggc gttaaataac 87652  
 tcataatcaa ctacggcagc ataaaaacaa gggatcccgg tatattcaga agaggcggca 87712  
 attaacgtag ccaggagcat taccgcaccc aaagtgaaca tcacacactg aattatccaa 87772  
 attcgccaat taagcgtatc catttgcgtga tctaacgctt ccacccggg tgtcgtgg 87832  
 tcgtacggcg agacttttc agaacgcggc cccttcttt gagttccc atg tct ccc 87889  
 Met Ser Pro

aac acc ggg gag agc aac gcc gcc gtc tat gcg tcc agt aca cag 87934  
 Asn Thr Gly Glu Ser Asn Ala Ala Val Tyr Ala Ser Ser Thr Gln  
 15830 15835 15840

ctc gcg cgg gcg tta tat gga ggg gat ctg gtt tcg tgg att aaa 87979  
 Leu Ala Arg Ala Leu Tyr Gly Gly Asp Leu Val Ser Trp Ile Lys  
 15845 15850 15855

cac acc cac ccg gga att agc ctg gaa ctg caa ttg gat gtt cca 88024  
 His Thr His Pro Gly Ile Ser Leu Glu Leu Gln Leu Asp Val Pro  
 15860 15865 15870

gta aaa cta ata aaa cct ggt atg tca caa act cgc ccg gta acc 88069  
 Val Lys Leu Ile Lys Pro Gly Met Ser Gln Thr Arg Pro Val Thr  
 15875 15880 15885

gtc gta cgt gcc cct atg ggc tct ggt aaa aca aca gcc ttg ctt 88114  
 Val Val Arg Ala Pro Met Gly Ser Gly Lys Thr Thr Ala Leu Leu  
 15890 15895 15900

gag	tgg ctt caa cac gcg	tta aag gca gat att	agc gta ctg gtt	88159
Glu	Trp Leu Gln His Ala	Leu Lys Ala Asp Ile	Ser Val Leu Val	
15905	15910	15915		
gtc	tca tgt cgc cgt agc	ttt acc cag acg ttg	att caa cgg ttt	88204
Val	Ser Cys Arg Arg Ser	Phe Thr Gln Thr Leu	Ile Gln Arg Phe	
15920	15925	15930		
aac	gat gca ggc ctc tcc	gga ttc gta aca tat	ttg aca tcc gag	88249
Asn	Asp Ala Gly Leu Ser	Gly Phe Val Thr Tyr	Leu Thr Ser Glu	
15935	15940	15945		
aca	tat att atg ggt ttt	aaa cgt ttg att gtg	caa ctt gaa agc	88294
Thr	Tyr Ile Met Gly Phe	Lys Arg Leu Ile Val	Gln Leu Glu Ser	
15950	15955	15960		
cta	cac cgc gta tcc agc	gaa gct atc gac agc	tac gac gta tta	88339
Leu	His Arg Val Ser Ser	Glu Ala Ile Asp Ser	Tyr Asp Val Leu	
15965	15970	15975		
ata	ctg gat gag gta atg	tca gtg att gga caa	tta tac tcc ccc	88384
Ile	Leu Asp Glu Val Met	Ser Val Ile Gly Gln	Leu Tyr Ser Pro	
15980	15985	15990		
aca	atg aga cgt ctt tcc	gcg gtt gat agc cta	tta tat cgt ctt	88429
Thr	Met Arg Arg Leu Ser	Ala Val Asp Ser Leu	Leu Tyr Arg Leu	
15995	16000	16005		
tta	aat cgc tgt tct caa	att atc gcg atg gat	gct aca gta aac	88474
Leu	Asn Arg Cys Ser Gln	Ile Ile Ala Met Asp	Ala Thr Val Asn	
16010	16015	16020		
tcg	cag ttt att gat tta	atc tcc gga ttg cgt	gga gat gaa aac	88519
Ser	Gln Phe Ile Asp Leu	Ile Ser Gly Leu Arg	Gly Asp Glu Asn	
16025	16030	16035		
ata	cac aca att gtg tgt	aca tac gcg gga gtt	ggg ttc tcc gga	88564
Ile	His Thr Ile Val Cys	Thr Tyr Ala Gly Val	Gly Phe Ser Gly	
16040	16045	16050		
aga	act tgc acg atc ctg	cgt gat atg ggc atc	gac acg ctt gtg	88609
Arg	Thr Cys Thr Ile Leu	Arg Asp Met Gly Ile	Asp Thr Leu Val	
16055	16060	16065		
cga	gtc att aaa cga tct	cct gaa cac gag gat	gta cgt acc ata	88654
Arg	Val Ile Lys Arg Ser	Pro Glu His Glu Asp	Val Arg Thr Ile	
16070	16075	16080		
cac	caa cta cgt gga aca	ttt ttt gac gaa cta	gca cta cga tta	88699

His	Gln	Leu	Arg	Gly	Thr	Phe	Phe	Asp	Glu	Leu	Ala	Leu	Arg	Leu	
16085					16090				16095						
caa	tgt	ggg	cat	aac	atc	tgt	ata	ttt	tca	tca	act	tta	tcg	ttt	88744
Gln	Cys	Gly	His	Asn	Ile	Cys	Ile	Phe	Ser	Ser	Thr	Leu	Ser	Phe	
16100					16105				16110						
tcg	gag	cta	gtt	gct	cag	ttt	tgt	gca	ata	ttt	aca	gac	tct	att	88789
Ser	Glu	Leu	Val	Ala	Gln	Phe	Cys	Ala	Ile	Phe	Thr	Asp	Ser	Ile	
16115					16120				16125						
ctt	att	tta	aac	tca	act	cg	ccc	cta	tgt	aat	gta	aac	gaa	tgg	88834
Leu	Ile	Leu	Asn	Ser	Thr	Arg	Pro	Leu	Cys	Asn	Val	Asn	Glu	Trp	
16130					16135				16140						
aaa	cat	ttt	cgc	gtg	ttg	gtg	tac	act	acc	gtc	gtg	acc	gtt	gga	88879
Lys	His	Phe	Arg	Val	Leu	Val	Tyr	Thr	Thr	Val	Val	Thr	Val	Gly	
16145					16150				16155						
ttg	agt	ttt	gac	atg	gct	cat	ttt	cat	agc	atg	ttt	gct	tac	ata	88924
Leu	Ser	Phe	Asp	Met	Ala	His	Phe	His	Ser	Met	Phe	Ala	Tyr	Ile	
16160					16165				16170						
aag	cca	atg	tca	tat	ggg	ccg	gat	atg	gta	tgc	gtc	tac	cag	tca	88969
Lys	Pro	Met	Ser	Tyr	Gly	Pro	Asp	Met	Val	Ser	Val	Tyr	Gln	Ser	
16175					16180				16185						
tta	ggg	cgt	gta	cgt	tta	ttg	cta	ctt	aat	gaa	gtt	ttg	atg	tac	89014
Leu	Gly	Arg	Val	Arg	Leu	Leu	Leu	Leu	Asn	Glu	Val	Leu	Met	Tyr	
16190					16195				16200						
gtc	gat	ggc	tca	agg	acc	aga	tgc	gga	ccc	ctg	ttc	tcg	cca	atg	89059
Val	Asp	Gly	Ser	Arg	Thr	Arg	Cys	Gly	Pro	Leu	Phe	Ser	Pro	Met	
16205					16210				16215						
tta	cta	aac	ttt	acc	atc	gca	aat	aaa	ttt	caa	tgg	ttt	cct	aca	89104
Leu	Leu	Asn	Phe	Thr	Ile	Ala	Asn	Lys	Phe	Gln	Trp	Phe	Pro	Thr	
16220					16225				16230						
cac	acc	caa	ata	act	aac	aaa	ctg	tgc	tgt	gca	ttt	agg	caa	cga	89149
His	Thr	Gln	Ile	Thr	Asn	Lys	Leu	Cys	Cys	Ala	Phe	Arg	Gln	Arg	
16235					16240				16245						
tgt	gca	aat	gca	ttt	aca	cg	tcg	aac	acc	cat	ctc	ttc	tca	aga	89194
Cys	Ala	Asn	Ala	Phe	Thr	Arg	Ser	Asn	Thr	His	Leu	Phe	Ser	Arg	
16250					16255				16260						
ttt	aaa	tac	aaa	cac	ctt	ttc	gag	aga	tgc	tct	ctt	tgg	agt	tta	89239
Phe	Lys	Tyr	Lys	His	Leu	Phe	Glu	Arg	Cys	Ser	Leu	Trp	Ser	Leu	
16265					16270				16275						

gcc	gat agc att aat atc	tta caa act ctt ttg	gcc tct aac caa	89284
Ala	Asp Ser Ile Asn Ile	Leu Gln Thr Leu Leu	Ala Ser Asn Gln	
16280	16285	16290		
att	ttg gtt gta ttg gat	ggc atg ggt cca ata	acg gac gtt tcc	89329
Ile	Leu Val Val Leu Asp	Gly Met Gly Pro Ile	Thr Asp Val Ser	
16295	16300	16305		
cca	gtt caa ttt tgt gca	ttt ata cac gat ctc	aga cat agc gct	89374
Pro	Val Gln Phe Cys Ala	Phe Ile His Asp Leu	Arg His Ser Ala	
16310	16315	16320		
aac	gcc gta gct tcc tgt	atg cgt tct ctt aga	cag gac aat gac	89419
Asn	Ala Val Ala Ser Cys	Met Arg Ser Leu Arg	Gln Asp Asn Asp	
16325	16330	16335		
agc	tgc ttg acc gat ttt	ggc cct tcc gga ttt	atg gcc gat aac	89464
Ser	Cys Leu Thr Asp Phe	Gly Pro Ser Gly Phe	Met Ala Asp Asn	
16340	16345	16350		
att	acc gcg ttt atg gaa	aag tat ctt atg gag	tca att aat acc	89509
Ile	Thr Ala Phe Met Glu	Lys Tyr Leu Met Glu	Ser Ile Asn Thr	
16355	16360	16365		
gaa	gaa caa att aaa gta	ttt aaa gcc ctt gca	tgt cca ata gaa	89554
Glu	Glu Gln Ile Lys Val	Phe Lys Ala Leu Ala	Cys Pro Ile Glu	
16370	16375	16380		
cag	cct aga cta gtc aat	acg gca ata ttg ggg	gcg tgt ata cga	89599
Gln	Pro Arg Leu Val Asn	Thr Ala Ile Leu Gly	Ala Cys Ile Arg	
16385	16390	16395		
ata	cct gaa gcg ttg gaa	gca ttt gac gta ttt	caa aaa ata tac	89644
Ile	Pro Glu Ala Leu Glu	Ala Phe Asp Val Phe	Gln Lys Ile Tyr	
16400	16405	16410		
acg	cac tac gct tcc ggt	tgg ttt ccc gtc ctg	gac aaa acc ggg	89689
Thr	His Tyr Ala Ser Gly	Trp Phe Pro Val Leu	Asp Lys Thr Gly	
16415	16420	16425		
gaa	ttt agc atc gcg act	ata act acc gcc cca	aat tta acc aca	89734
Glu	Phe Ser Ile Ala Thr	Ile Thr Thr Ala Pro	Asn Leu Thr Thr	
16430	16435	16440		
cat	tgg gag ctg ttt cgc	cgt tgt gcc tat att	gca aaa aca ctc	89779
His	Trp Glu Leu Phe Arg	Arg Cys Ala Tyr Ile	Ala Lys Thr Leu	
16445	16450	16455		
aag	tgg aat ccg tcc acc	gaa ggc tgt gta aca	caa gtt ttg gat	89824

Lys	Trp	Asn	Pro	Ser	Thr	Glu	Gly	Cys	Val	Thr	Gln	Val	Leu	Asp	
16460					16465					16470					
acg	gac	att	aat	aca	ctt	ttc	aat	caa	cac	ggg	gat	tcg	ctg	gct	89869
Thr	Asp	Ile	Asn	Thr	Leu	Phe	Asn	Gln	His	Gly	Asp	Ser	Leu	Ala	
16475					16480					16485					
caa	cta	ata	ttt	gag	gtt	atg	cgc	tgt	aac	gtt	act	gac	gct	aag	89914
Gln	Leu	Ile	Phe	Glu	Val	Met	Arg	Cys	Asn	Val	Thr	Asp	Ala	Lys	
16490					16495					16500					
att	ata	tta	aac	cgc	ccg	gtt	tgg	cga	aca	acc	gga	ttc	tta	gat	89959
Ile	Ile	Leu	Asn	Arg	Pro	Val	Trp	Arg	Thr	Thr	Gly	Phe	Leu	Asp	
16505					16510					16515					
gga	tgc	cat	aat	caa	tgc	ttc	cgt	cca	atc	cct	aca	aaa	cac	gaa	90004
Gly	Cys	His	Asn	Gln	Cys	Phe	Arg	Pro	Ile	Pro	Thr	Lys	His	Glu	
16520					16525					16530					
tat	aac	att	gct	cta	ttt	cgt	tta	att	tgg	gaa	caa	tta	ttt	ggc	90049
Tyr	Asn	Ile	Ala	Leu	Phe	Arg	Leu	Ile	Trp	Glu	Gln	Leu	Phe	Gly	
16535					16540					16545					
gcc	cgc	gta	act	aaa	agt	acc	cag	acc	ttt	ccg	gga	agt	act	cgt	90094
Ala	Arg	Val	Thr	Lys	Ser	Thr	Gln	Thr	Phe	Pro	Gly	Ser	Thr	Arg	
16550					16555					16560					
gtg	aaa	aac	cta	aaa	aaa	aaa	gat	cta	gaa	act	tta	ctt	gat	tca	90139
Val	Lys	Asn	Leu	Lys	Lys	Lys	Asp	Leu	Glu	Thr	Leu	Leu	Asp	Ser	
16565					16570					16575					
att	aac	gtg	gat	cgt	tct	gca	tgt	cgt	acc	tac	cgc	cag	ttg	tat	90184
Ile	Asn	Val	Asp	Arg	Ser	Ala	Cys	Arg	Thr	Tyr	Arg	Gln	Leu	Tyr	
16580					16585					16590					
aac	ctg	ctt	atg	agc	cag	cgc	cat	tcg	ttc	tct	caa	cag	cgt	tac	90229
Asn	Leu	Leu	Met	Ser	Gln	Arg	His	Ser	Phe	Ser	Gln	Gln	Arg	Tyr	
16595					16600					16605					
aaa	att	act	gcc	ccc	gct	tgg	gca	cgc	cac	gtg	tat	ttt	caa	gca	90274
Lys	Ile	Thr	Ala	Pro	Ala	Trp	Ala	Arg	His	Val	Tyr	Phe	Gln	Ala	
16610					16615					16620					
cat	caa	atg	cac	ttg	gcc	ccg	cat	gcc	gaa	gcc	atg	cta	caa	tta	90319
His	Gln	Met	His	Leu	Ala	Pro	His	Ala	Glu	Ala	Met	Leu	Gln	Leu	
16625					16630					16635					
gcg	cta	tcg	gaa	ctg	tcc	ccg	gga	tcg	tgg	ccg	cgg	ata	aac	ggg	90364
Ala	Leu	Ser	Glu	Leu	Ser	Pro	Gly	Ser	Trp	Pro	Arg	Ile	Asn	Gly	
16640					16645					16650					

gct	gta aat ttt gaa agt	tta taa cccgttaata ccatatatgg	90408	
Ala	Val Asn Phe Glu Ser	Leu		
16655	16660			
acatccatag	gggggttac ataaaacta agcctctgta caacacaaag ggcctcta	90468		
aatgcactga	accacaacca agct atg gac gca acg	cag att acc ttg	90516	
	Met Asp Ala Thr	Gln Ile Thr Leu		
	16665			
gtt	aga gaa agc gga cac	att tgt gcc gca agc	ata tac aca tcc	90561
Val	Arg Glu Ser Gly His	Ile Cys Ala Ala Ser	Ile Tyr Thr Ser	
16670	16675	16680		
tgg	aca cag tcc gga caa	tta aca cag aac ggt	ctt tcc gtg tta	90606
Trp	Thr Gln Ser Gly Gln	Leu Thr Gln Asn Gly	Leu Ser Val Leu	
16685	16690	16695		
tac	tac tta tta tgc aaa	aac tca tgt ggg aaa	tac gtc cct aag	90651
Tyr	Tyr Leu Leu Cys Lys	Asn Ser Cys Gly Lys	Tyr Val Pro Lys	
16700	16705	16710		
ttt	gcc gaa att acc gta	caa caa gag gat tta	tgt cgc tac tcc	90696
Phe	Ala Glu Ile Thr Val	Gln Gln Glu Asp Leu	Cys Arg Tyr Ser	
16715	16720	16725		
agg	cat ggg ggg agt gtt	tct gcg gca acg ttt	gct tct atc tgc	90741
Arg	His Gly Gly Ser Val	Ser Ala Ala Thr Phe	Ala Ser Ile Cys	
16730	16735	16740		
agg	gct gct tcc tcg gct	gct tta gac gcc tgg	ccc ctt gaa cca	90786
Arg	Ala Ala Ser Ser Ala	Ala Leu Asp Ala Trp	Pro Leu Glu Pro	
16745	16750	16755		
ctg	ggt aac gca gac acc	tgg cgt tgt ctc cat	ggc act gcc ctg	90831
Leu	Gly Asn Ala Asp Thr	Trp Arg Cys Leu His	Gly Thr Ala Leu	
16760	16765	16770		
gcc	act tta cgg cgc gta	tta ggg ttt aaa tcg	ttt tat tcg cca	90876
Ala	Thr Leu Arg Arg Val	Leu Gly Phe Lys Ser	Phe Tyr Ser Pro	
16775	16780	16785		
gta	aca ttc gag act gat	acg aat aca ggt ctt	ctg tta aaa aca	90921
Val	Thr Phe Glu Thr Asp	Thr Asn Thr Gly Leu	Leu Leu Lys Thr	
16790	16795	16800		
atc	ccc gat gaa cac gcg	ttg aat aat gac aac	acg cca tct acc	90966
Ile	Pro Asp Glu His Ala	Leu Asn Asn Asp Asn	Thr Pro Ser Thr	
16805	16810	16815		

gga	gta ttg agg gct aat	ttt ccc gtg gcc att	gat gtt tca gca	91011
Gly	Val Leu Arg Ala Asn	Phe Pro Val Ala Ile	Asp Val Ser Ala	
16820	16825	16830		
gtc	agc gca tgt aac gcc	cac acg caa ggt acg	tcg cta gcc tac	91056
Val	Ser Ala Cys Asn Ala	His Thr Gln Gly Thr	Ser Leu Ala Tyr	
16835	16840	16845		
gcc	cgc ctg acc gca ctt	aaa tct aac ggt gac	acc cag caa caa	91101
Ala	Arg Leu Thr Ala Leu	Lys Ser Asn Gly Asp	Thr Gln Gln Gln	
16850	16855	16860		
aca	cct tta gac gtg gag	gta att aca cca aag	gcc tac ata cgt	91146
Thr	Pro Leu Asp Val Glu	Val Ile Thr Pro Lys	Ala Tyr Ile Arg	
16865	16870	16875		
cgg	aaa tat aag tct acg	ttt tcc ccc cct ata	gag cgg gaa ggc	91191
Arg	Lys Tyr Lys Ser Thr	Phe Ser Pro Pro Ile	Glu Arg Glu Gly	
16880	16885	16890		
caa	acc tcc gat ttg ttt	aac ctt gaa gaa cgc	cgc ttg gtt ctt	91236
Gln	Thr Ser Asp Leu Phe	Asn Leu Glu Glu Arg	Arg Leu Val Leu	
16895	16900	16905		
agt	ggc aat cgc gca att	gtg gta agg gta ctc	tta ccg tgt tat	91281
Ser	Gly Asn Arg Ala Ile	Val Val Arg Val Leu	Leu Pro Cys Tyr	
16910	16915	16920		
ttt	gac tgt tta aca acg	gat tcc acc gtt aca	tct tcc ctt tca	91326
Phe	Asp Cys Leu Thr Thr	Asp Ser Thr Val Thr	Ser Ser Leu Ser	
16925	16930	16935		
ata	tta gca aca tat aga	ctg tgg tac gcg gcg	gcg ttt gga aaa	91371
Ile	Leu Ala Thr Tyr Arg	Leu Trp Tyr Ala Ala	Ala Phe Gly Lys	
16940	16945	16950		
ccc	ggg gtt gtc cgt cca	atc ttt gcg tat tta	ggc ccg gaa ctc	91416
Pro	Gly Val Val Arg Pro	Ile Phe Ala Tyr Leu	Gly Pro Glu Leu	
16955	16960	16965		
aat	ccg aag ggt gaa gac	aga gac tac ttt tgt	act gtc gga ttt	91461
Asn	Pro Lys Gly Glu Asp	Arg Asp Tyr Phe Cys	Thr Val Gly Phe	
16970	16975	16980		
ccc	gga tgg acc act ctt	cgg aca caa act cca	gcc gtc gaa tct	91506
Pro	Gly Trp Thr Thr Leu	Arg Thr Gln Thr Pro	Ala Val Glu Ser	
16985	16990	16995		
att	cgc acg gct acg gag	atg tac atg gaa acg	gat ggg ttg tgg	91551

Ile	Arg	Thr	Ala	Thr	Glu	Met	Tyr	Met	Glu	Thr	Asp	Gly	Leu	Trp	
17000					17005				17010						
cca	gta	acc	ggt	att	cag	gcc	ttt	cat	tat	cta	gcc	ccc	tgg	gga	91596
Pro	Val	Thr	Gly	Ile	Gln	Ala	Phe	His	Tyr	Leu	Ala	Pro	Trp	Gly	
17015					17020					17025					
cag	cat	ccc	ccc	tta	cct	ccg	cgg	gtg	cag	gat	ctt	att	ggg	caa	91641
Gln	His	Pro	Pro	Leu	Pro	Pro	Arg	Val	Gln	Asp	Leu	Ile	Gly	Gln	
17030					17035					17040					
atc	cct	caa	gat	act	gga	cat	gca	gat	gca	act	gtc	aat	tgg	gac	91686
Ile	Pro	Gln	Asp	Thr	Gly	His	Ala	Asp	Ala	Thr	Val	Asn	Trp	Asp	
17045					17050					17055					
gcg	ggc	cgg	ata	tct	acc	gtc	ttc	aaa	cag	cct	gta	caa	cta	caa	91731
Ala	Gly	Arg	Ile	Ser	Thr	Val	Phe	Lys	Gln	Pro	Val	Gln	Leu	Gln	
17060					17065					17070					
gat	cgt	tgg	atg	gca	aag	ttt	gat	ttc	agc	gcc	ttt	ttt	ccc	acg	91776
Asp	Arg	Trp	Met	Ala	Lys	Phe	Asp	Phe	Ser	Ala	Phe	Phe	Pro	Thr	
17075					17080					17085					
ata	tac	tgc	gct	atg	ttc	ccc	atg	cat	ttt	aga	tta	ggc	aaa	atc	91821
Ile	Tyr	Cys	Ala	Met	Phe	Pro	Met	His	Phe	Arg	Leu	Gly	Lys	Ile	
17090					17095					17100					
gtc	ctg	gct	aga	atg	cgt	cga	gga	atg	ggg	tgc	cta	aaa	ccc	gcg	91866
Val	Leu	Ala	Arg	Met	Arg	Arg	Gly	Met	Gly	Cys	Leu	Lys	Pro	Ala	
17105					17110					17115					
ttg	gtg	tct	ttt	ttt	ggg	ggg	tta	cgg	cac	ata	ctc	ccg	agt	ata	91911
Leu	Val	Ser	Phe	Phe	Gly	Gly	Leu	Arg	His	Ile	Leu	Pro	Ser	Ile	
17120					17125					17130					
tac	aaa	gct	att	att	ttt	ata	gcc	aat	gaa	att	agc	ctt	tgc	gtc	91956
Tyr	Lys	Ala	Ile	Ile	Phe	Ile	Ala	Asn	Glu	Ile	Ser	Leu	Cys	Val	
17135					17140					17145					
gaa	caa	acg	gcc	ttg	gaa	cag	ggc	ttt	gct	ata	tgt	act	tat	ata	92001
Glu	Gln	Thr	Ala	Leu	Glu	Gln	Gly	Phe	Ala	Ile	Cys	Thr	Tyr	Ile	
17150					17155					17160					
aaa	gat	gga	ttt	tgg	gga	atc	ttc	acc	gat	tta	cat	acg	cgc	aat	92046
Lys	Asp	Gly	Phe	Trp	Gly	Ile	Phe	Thr	Asp	Leu	His	Thr	Arg	Asn	
17165					17170					17175					
gta	tgt	tca	gat	cag	gca	cgt	tgt	tcg	gcc	tta	aat	tta	gcg	gcc	92091
Val	Cys	Ser	Asp	Gln	Ala	Arg	Cys	Ser	Ala	Leu	Asn	Leu	Ala	Ala	
17180					17185					17190					

acc	tgc gaa aga gca gtc	acg ggc tta tta cga	att caa cta ggt	92136
Thr	Cys Glu Arg Ala Val	Thr Gly Leu Leu Arg	Ile Gln Leu Gly	
17195	17200	17205		
ctt	aac ttt aca ccc gcc	atg gaa ccg gta ctc	cgg gtc gag ggt	92181
Leu	Asn Phe Thr Pro Ala	Met Glu Pro Val Leu	Arg Val Glu Gly	
17210	17215	17220		
gtg	tac act cac gca ttt	acc tgg tgt acc acg	gga agc tgg ctg	92226
Val	Tyr Thr His Ala Phe	Thr Trp Cys Thr Thr	Gly Ser Trp Leu	
17225	17230	17235		
tgg	aat tta caa aca aac	acg cct ccg gat tta	gtt ggc gtg cca	92271
Trp	Asn Leu Gln Thr Asn	Thr Pro Pro Asp Leu	Val Gly Val Pro	
17240	17245	17250		
tgg	cga agt cag gcg gcg	cga gat tta aag gag	cgt ctt tca gga	92316
Trp	Arg Ser Gln Ala Ala	Arg Asp Leu Lys Glu	Arg Leu Ser Gly	
17255	17260	17265		
ctc	cta tgt acc gca aca	aaa att cga gaa cgg	ata cag gaa aat	92361
Leu	Leu Cys Thr Ala Thr	Lys Ile Arg Glu Arg	Ile Gln Glu Asn	
17270	17275	17280		
tgc	ata tgg gac cat gtc	cta tac gac ata tgg	gcc gga caa gtt	92406
Cys	Ile Trp Asp His Val	Leu Tyr Asp Ile Trp	Ala Gly Gln Val	
17285	17290	17295		
gtg	gag gct gcc aga aaa	aca tac gtc gat ttt	ttt gaa cat gtt	92451
Val	Glu Ala Ala Arg Lys	Thr Tyr Val Asp Phe	Phe Glu His Val	
17300	17305	17310		
ttt	gat cgc cgt tat act	ccg gta tac tgg agt	ctt cag gag caa	92496
Phe	Asp Arg Arg Tyr Thr	Pro Val Tyr Trp Ser	Leu Gln Glu Gln	
17315	17320	17325		
aat	tcg gaa aca aaa gca	ata ccg gca tct tat	ctg aca tac gga	92541
Asn	Ser Glu Thr Lys Ala	Ile Pro Ala Ser Tyr	Leu Thr Tyr Gly	
17330	17335	17340		
cac	atg caa gat aag gat	tat aaa cca aga cag	ata att atg gtt	92586
His	Met Gln Asp Lys Asp	Tyr Lys Pro Arg Gln	Ile Ile Met Val	
17345	17350	17355		
cgt	aat ccc aac cca cat	gga cct cct act gtt	gtt tac tgg gaa	92631
Arg	Asn Pro Asn Pro His	Gly Pro Pro Thr Val	Val Tyr Trp Glu	
17360	17365	17370		
ttg	cta cca tcg tgt gcc	tgt att ccc ccc ata	gac tgc gct gct	92676

Leu	Leu	Pro	Ser	Cys	Ala	Cys	Ile	Pro	Pro	Ile	Asp	Cys	Ala	Ala	
17375					17380					17385					
cat	ctc	aag	ccc	ctt	ata	cac	acg	ttt	gtc	act	att	att	aac	cat	92721
His	Leu	Lys	Pro	Leu	Ile	His	Thr	Phe	Val	Thr	Ile	Ile	Asn	His	
17390					17395					17400					
ctt	cta	gat	gct	cat	aat	gat	ttt	tca	agt	cca	tca	ttg	aaa	ttt	92766
Leu	Leu	Asp	Ala	His	Asn	Asp	Phe	Ser	Ser	Pro	Ser	Leu	Lys	Phe	
17405					17410					17415					
act	gac	gat	ccc	ctt	gct	tca	tat	aac	ttc	ttg	ttt	tta	tga		92808
Thr	Asp	Asp	Pro	Leu	Ala	Ser	Tyr	Asn	Phe	Leu	Phe	Leu			
17420					17425					17430					
caaaaaaaaca	cgccgcaaca	accatcctt	aaaataaaag	gtttatttac	tttacaaccc										92868
gtggtaatt	tttatacgtt	tcaaataact	gaacatttt	cgggttacc	atggtgcgat										92928
ttaaccacca	aaaatatacg	ctcttcgtat	attccgaatc	tcgtaaaggt	ccatthaaca										92988
atccccgggg	tacttgcacc	acaccatctg	gacagggggg	ggttccgtgg	ggcaggtaa										93048
aacgctgacc	caccccacat	gaatatata	cccttataat	attgggggcc	gttccaggct										93108
gagggttcag	taacttaaca	aacatataat	gcggcaatac	gcgggtttt	gtaaagggt										93168
tgttatcaac	gacatacatt	agagtgtt	acaaccataa	aactccctca	tataaaaacc										93228
gacgcattt	ttccaaaggt	cctatttgac	actcaacg	tctaagat	acagacaatt										93288
gtacaaacag	cgatggagat	gccccggagg	gcccaatg	ttccagatac	attaaaataa										93348
cacataaggt	aaaatctagg	acattatccg	ggcggat	agtcatccg	tagattaaca										93408
ggcgccggagg	caccccccacc	gtatacaccc	tatcttcaac	cgcagttaat	acggaaaaaa										93468
taaatccg	gaacgctggt	ttagtaacac	actccatgt	gtaacgatca	caggacacct										93528
cacttgaatc	accattcaac	actactaaa	cggtctctt	gtgttccggt	tttacgcgca										93588
gtgatacaac	agagttgcc	aaaaagcgt	gcttcaaacc	ggttacctcc	cgcgcctcgc										93648
atacgaatct	tggatttgct	tgtattctaa	gatcttcgt	cacgtcgctc	acatccaacc										93708
cctcttcggc	tcgtttagt	aagttgtcga	tcgttacg	gcaacctaaa	atgctggta										93768
tatttattcc	ggacatccca	tcggccatcc	ccgcgcctcc	ggttgctcg	aattttatcc										93828
agtaagg	aatccgctgc	atttacctt	tgtacccgt	acctctcagg	ggggtgtcct										93888

ttcataaaat gggatagggtt tttatatcca acatgcatgt attggttatt tattttattg 93948  
ggttccggga ttcttcgtc atcttctgta gggtcaggca aaccccagga aggacttggt 94008  
gttctccgtg ggccccgttt tattacctct gcgcgaacct gcatttcata taatattcgg 94068  
atttggata aataggactc tggtctcgcc tttttaaaaa tagcctggca taactctcc 94128  
tctgacctat gtacctcgct ttgagttacc aagaatccta atcgggtggc ccgtaatatg 94188  
aatgaaaaat acggcgcaac tagtaatgag attgacgcat ttgaatatga tacagaaatt 94248  
tcctggcctt gattattgtt tacccggtga agcttaaaac agcgaacaag ttccgttcc 94308  
catagctcag acaaacgttt tatatcatct ccataagggg gnatataacg agattgaaaa 94368  
ctattggcaa tatatgcattt atcccattt atgccgttaa gatctataac ctcgtgattt 94428  
aaatcggcaa tacgtgttc ttctgccatt gtaatatgtg accctttaga tggctttatt 94488  
tttaccctct cttcccgtaa ccgtttcagc ttccttctt tgaactggag ccttcggc 94548  
agatcgctgt tcacatcattt gagaccctca atggtttga ataaattatt cacataaccc 94608  
tcgagcatgc cggtgatact gttaccacc gaagttttaa acgcactttg aacgtttgtt 94668  
gttccggaca ttgcgggggg gttaaaggat tggttggcct tgccaaaccc cggttgtgat 94728  
gtgtccaccc atccacttcc ttccagaatg tgattgcccgg tttcttcttag ataggaacgt 94788  
acggttcgg taatatctcc aacatgtctc atgtttttta agttaactat tagcttaca 94848  
agtctagacg cggccgatcc agcccggttt gtatcggtt cggccattat acgatcaacc 94908  
gcacgtgtgc tgtgagatct atcatcttca ttccggcgcac ctattaacac ggcggaaa 94968  
gctgtattta aaacttggca gacgagca tggcacgtt atgcataaca ggccaaacacc 95028  
tccccagaaa gccgctgttaa gggtgagtca aatactacac cctcccccaca tacaacgggc 95088  
ggccacacga ccaaacactc tcccttcattt cccgttacat catccttgc cataattaat 95148  
ttcgggttat aattataata aagacgcgtc ctatcataat ccataatagc aacattttgc 95208  
atacactcaa ctaggcttgtt gacaaccgcc gtcctctgg ccaacgttgc atcggcaact 95268  
tttaacatct gggacagttc tgccgcttga cccatatacg tatttaatgg tgcagggtt 95328  
ccattctgtt ctgatcgtaa ctttcttaca acgggcacaa tacctacaca ggctatccag 95388

tccacgtatt	tggcaaaacc	gacccttcca	tttaaaccac	tggtatagag	acaaccggtt	95448
attccacgca	gaaactcaag	taacgatgac	tgtaatgttt	gacgccaggt	ttcaaaaacc	95508
tgatgtcaa	gccgtacggc	ttctgattct	ccacatagcc	cataacgttc	cgctagagcc	95568
ccggcatgca	ggttacattg	ttggatgtgg	tgttccaat	ctgctgctag	gtcctcatac	95628
cgagttgcat	ccaacgcgtt	catcaaaacg	gttgcctgaa	cttggcgaat	tacagttcc	95688
gtagaccgta	cagcgctata	tatgccttgt	ccatcggtat	atccaaagtc	accggctagg	95748
attttcgaa	acaacatact	ttgcgtggtt	gggtgttatta	acatccagcc	atcttcctcc	95808
gaaaaatgtac	aaaaccctat	atccggggcg	tactcattcc	agtatatatc	gaacatgttc	95868
ttgtatttgtt	catttgggtt	acttccattc	aagccctgg	caatagaaac	agaacttgct	95928
atcctttttt	cttcactacc	ggaactgtta	ttaaaaagag	acgttatttc	ggccattgaa	95988
aaccacg atg aaa aga	tca att tct gta gac	agt tct tca ccc aaa				96034
Met Lys Arg	Ser Ile Ser Val Asp	Ser Ser Ser Pro Lys				
17435	17440	17445				
aac gtt ttt aat cca	gag acg ccc aat gga	ttt gat gac agt gta				96079
Asn Val Phe Asn Pro	Glu Thr Pro Asn Gly	Phe Asp Asp Ser Val				
17450	17455	17460				
tat tta aac ttc acc	tct atg cat agc att	caa cct atc ctc tca				96124
Tyr Leu Asn Phe Thr	Ser Met His Ser Ile	Gln Pro Ile Leu Ser				
17465	17470	17475				
cgg att cga gaa ctt	gcc gca att acg att	cca aaa gaa cgt gtt				96169
Arg Ile Arg Glu Leu	Ala Ala Ile Thr Ile	Pro Lys Glu Arg Val				
17480	17485	17490				
ccg cgg ttg tgt tgg	ttt aaa cag tta ctc	gaa ctg caa gcg cct				96214
Pro Arg Leu Cys Trp	Phe Lys Gln Leu Leu	Glu Leu Gln Ala Pro				
17495	17500	17505				
cct gaa atg cag agg	aat gag ctc ccc ttc	tcc gtt tat tta att				96259
Pro Glu Met Gln Arg	Asn Glu Leu Pro Phe	Ser Val Tyr Leu Ile				
17510	17515	17520				
agc gga aat gcc ggc	tcc gga aaa agc acg	tgt atc caa acg ctt				96304
Ser Gly Asn Ala Gly	Ser Gly Lys Ser Thr	Cys Ile Gln Thr Leu				
17525	17530	17535				
aac gaa gct atc gat	tgc att att acc gga	tcc acc agg gtt gct				96349

Asn Glu Ala Ile Asp	Cys Ile Ile Thr Gly	Ser Thr Arg Val Ala	
17540	17545	17550	
gcc caa aat gtt cat	gct aag tta tca acg	gct tat gcg agt cgt	96394
Ala Gln Asn Val His	Ala Lys Leu Ser Thr	Ala Tyr Ala Ser Arg	
17555	17560	17565	
ccg ata aac aca atc	ttt cat gaa ttt ggt	ttt cgc gga aat cac	96439
Pro Ile Asn Thr Ile	Phe His Glu Phe Gly	Phe Arg Gly Asn His	
17570	17575	17580	
att cag gct cag ctg	ggc cgt tac gca tat	aac tgg act acg acc	96484
Ile Gln Ala Gln Leu	Gly Arg Tyr Ala Tyr	Asn Trp Thr Thr Thr	
17585	17590	17595	
ccc cct tct att gag	gac ctg caa aaa aga	gat att gta tac tac	96529
Pro Pro Ser Ile Glu	Asp Leu Gln Lys Arg	Asp Ile Val Tyr Tyr	
17600	17605	17610	
tgg gaa gtt tta att	gat ata aca aaa cga	gtg ttt caa atg ggg	96574
Trp Glu Val Leu Ile	Asp Ile Thr Lys Arg	Val Phe Gln Met Gly	
17615	17620	17625	
gac gac ggt cgc gga	gga aca tcg aca ttt	aaa acc ctg tgg gca	96619
Asp Asp Gly Arg Gly	Gly Thr Ser Thr Phe	Lys Thr Leu Trp Ala	
17630	17635	17640	
att gaa cgt ttg ctt	aat aaa cct aca ggc	tca atg tcc gga acc	96664
Ile Glu Arg Leu Leu	Asn Lys Pro Thr Gly	Ser Met Ser Gly Thr	
17645	17650	17655	
gcg ttt atc gca tgc	ggt tcc ctt ccg gct	ttt acc cgg agc aac	96709
Ala Phe Ile Ala Cys	Gly Ser Leu Pro Ala	Phe Thr Arg Ser Asn	
17660	17665	17670	
gtt att gtt att gat	gaa gca gga ttg cta	ggg cgt cat att ctc	96754
Val Ile Val Ile Asp	Glu Ala Gly Leu Leu	Gly Arg His Ile Leu	
17675	17680	17685	
acg gcc gtt gtt tac	tgt tgg tgg ctt ttg	aat gct ata tat caa	96799
Thr Ala Val Val Tyr	Cys Trp Trp Leu Leu	Asn Ala Ile Tyr Gln	
17690	17695	17700	
agc cct cag tac ata	aac ggt cga aaa ccg	gtc ata gta tgc gtc	96844
Ser Pro Gln Tyr Ile	Asn Gly Arg Lys Pro	Val Ile Val Cys Val	
17705	17710	17715	
ggt tcg ccc acc caa	act gac tcg tta gaa	tct cat ttt caa cat	96889
Gly Ser Pro Thr Gln	Thr Asp Ser Leu Glu	Ser His Phe Gln His	
17720	17725	17730	

gac atg cag cgt tca Asp Met Gln Arg Ser	17735	cac gta act cct agt His Val Thr Pro Ser	17740	gaa aat ata ctc acg Glu Asn Ile Leu Thr	17745	96934
tat ata atc tgc aat Tyr Ile Ile Cys Asn	17750	caa act ctg cgt caa Gln Thr Leu Arg Gln	17755	tat act aac atc tca Tyr Thr Asn Ile Ser	17760	96979
cat aac tgg gca atc His Asn Trp Ala Ile	17765	ttt att aat aac aaa Phe Ile Asn Asn Lys	17770	cga tgt caa gag gac Arg Cys Gln Glu Asp	17775	97024
gat ttt gga aat ctt Asp Phe Gly Asn Leu	17780	tta aaa acg ctt gag Leu Lys Thr Leu Glu	17785	tac ggg cta cct att Tyr Gly Leu Pro Ile	17790	97069
acc gaa gca cat gcg Thr Glu Ala His Ala	17795	cgt ctg gtc gat aca Arg Leu Val Asp Thr	17800	ttt gtt gta cct gca Phe Val Val Pro Ala	17805	97114
tcc tat att aac aat Ser Tyr Ile Asn Asn	17810	cct gct aat ctt ccc Pro Ala Asn Leu Pro	17815	gga tgg acg cgt ctg Gly Trp Thr Arg Leu	17820	97159
tat tcg tcg cat aag Tyr Ser Ser His Lys	17825	gag gtg agc gcg tat Glu Val Ser Ala Tyr	17830	atg agt aag tta cac Met Ser Lys Leu His	17835	97204
gcg cat tta aaa cta Ala His Leu Lys Leu	17840	tcg aaa aat gac cat Ser Lys Asn Asp His	17845	ttt tct gtg ttt gcc Phe Ser Val Phe Ala	17850	97249
tta ccg act tat aca Leu Pro Thr Tyr Thr	17855	ttc atc cgg cta acg Phe Ile Arg Leu Thr	17860	gca ttt gat gaa tac Ala Phe Asp Glu Tyr	17865	97294
cgc aaa tta acg gga Arg Lys Leu Thr Gly	17870	caa ccc gga ctt tct Gln Pro Gly Leu Ser	17875	gtt gaa cat tgg ata Val Glu His Trp Ile	17880	97339
cgg gca aac tcc ggt Arg Ala Asn Ser Gly	17885	cgt ttg cac aat tat Arg Leu His Asn Tyr	17890	tcc caa agc cga gat Ser Gln Ser Arg Asp	17895	97384
cat gac atg gga aca His Asp Met Gly Thr	17900	gtt aaa tac gaa aca Val Lys Tyr Glu Thr	17905	cat tca aat cgc gac His Ser Asn Arg Asp	17910	97429
tta att gta gcc cgt aca gac atc act tac				gtg cta aat agt ctc		97474

Leu Ile Val Ala Arg	Thr Asp Ile Thr Tyr	Val Leu Asn Ser Leu	
17915	17920	17925	
gta gtt gta acc aca	aga cta cgt aag tta	gtt att gga ttc agt	97519
Val Val Val Thr Thr	Arg Leu Arg Lys Leu	Val Ile Gly Phe Ser	
17930	17935	17940	
ggt aca ttt caa tcg	ttt gca aag gtt tta	cgt gac gac tcc ttt	97564
Gly Thr Phe Gln Ser	Phe Ala Lys Val Leu	Arg Asp Asp Ser Phe	
17945	17950	17955	
gtg aag gct cga gga	gag aca tcc atc gaa	tat gct tac cgg ttt	97609
Val Lys Ala Arg Gly	Glu Thr Ser Ile Glu	Tyr Ala Tyr Arg Phe	
17960	17965	17970	
ctg tca aac cta atc	ttt gga ggc ttg att	aac ttt tac aat ttt	97654
Leu Ser Asn Leu Ile	Phe Gly Gly Leu Ile	Asn Phe Tyr Asn Phe	
17975	17980	17985	
ttg tta aat aaa aac	cta cat ccc gat aag	gta tcg tta gca tac	97699
Leu Leu Asn Lys Asn	Leu His Pro Asp Lys	Val Ser Leu Ala Tyr	
17990	17995	18000	
aaa cgg tta gct gcc	tta acc ctg gag tta	ttg tct gga aca aac	97744
Lys Arg Leu Ala Ala	Leu Thr Leu Glu Leu	Leu Ser Gly Thr Asn	
18005	18010	18015	
aaa gcc ccc tta cac	gaa gca gcg gtt aat	ggg gcg ggt gcc ggg	97789
Lys Ala Pro Leu His	Glu Ala Ala Val Asn	Gly Ala Gly Ala Gly	
18020	18025	18030	
att gac tgt gat ggt	gca gct act tct gcc	gat aaa gcc ttc tgc	97834
Ile Asp Cys Asp Gly	Ala Ala Thr Ser Ala	Asp Lys Ala Phe Cys	
18035	18040	18045	
ttt acc aaa gcc ccc	gag tcc aaa gta acg	gcc tcc ata ccc gaa	97879
Phe Thr Lys Ala Pro	Glu Ser Lys Val Thr	Ala Ser Ile Pro Glu	
18050	18055	18060	
gac ccg gat gat gta	att ttt acg gca ctt	aac gac gag gtt att	97924
Asp Pro Asp Asp Val	Ile Phe Thr Ala Leu	Asn Asp Glu Val Ile	
18065	18070	18075	
gac ttg gta tac tgc	cag tac gaa ttt tcc	tat ccc aaa tca tcc	97969
Asp Leu Val Tyr Cys	Gln Tyr Glu Phe Ser	Tyr Pro Lys Ser Ser	
18080	18085	18090	
aat gag gtc cat gct	cag ttt ctg tta atg	aaa gct att tac gat	98014
Asn Glu Val His Ala	Gln Phe Leu Leu Met	Lys Ala Ile Tyr Asp	
18095	18100	18105	

ggt cga tat gcc ata	tta gca gag ctt ttc	gaa agc agc ttt aca	98059
Gly Arg Tyr Ala Ile	Leu Ala Glu Leu Phe	Glu Ser Ser Phe Thr	
18110	18115	18120	
acc gcc ccc ttt agc	gcg tat gtc gat aat	gtt aat ttc aac gga	98104
Thr Ala Pro Phe Ser	Ala Tyr Val Asp Asn	Val Asn Phe Asn Gly	
18125	18130	18135	
agc gag ctt ttg atc	ggc aat gtg cg <sup>g</sup> ggg	ggg ctg tta tct ttg	98149
Ser Glu Leu Leu Ile	Gly Asn Val Arg Gly	Gly Leu Leu Ser Leu	
18140	18145	18150	
gca tta caa aca gat	acg tat acc ctt ttg	ggg tat act ttt gca	98194
Ala Leu Gln Thr Asp	Thr Tyr Thr Leu Leu	Gly Tyr Thr Phe Ala	
18155	18160	18165	
ccc gtg cca gtc ttt	gta gag gaa ctg acc	cga aaa aag ctg tac	98239
Pro Val Pro Val Phe	Val Glu Glu Leu Thr	Arg Lys Lys Leu Tyr	
18170	18175	18180	
cgc gaa act acc gaa	atg tta tat gct cta	cac gta cct ctt atg	98284
Arg Glu Thr Thr Glu	Met Leu Tyr Ala Leu	His Val Pro Leu Met	
18185	18190	18195	
gtc tta cag gat caa	cat ggg ttt gtg tcc	atc gta aac gct aac	98329
Val Leu Gln Asp Gln	His Gly Phe Val Ser	Ile Val Asn Ala Asn	
18200	18205	18210	
gta tgt gaa ttt acc	gag tct ata gag gat	gca gaa ttg gca atg	98374
Val Cys Glu Phe Thr	Glu Ser Ile Glu Asp	Ala Glu Leu Ala Met	
18215	18220	18225	
gcc acc acg gtg gac	tat ggc ctt agt tct	aaa cta gcc atg aca	98419
Ala Thr Thr Val Asp	Tyr Gly Leu Ser Ser	Lys Leu Ala Met Thr	
18230	18235	18240	
att gca cgc tca cag	ggt ctg agt tta gag	aag gta gct atc tgt	98464
Ile Ala Arg Ser Gln	Gly Leu Ser Leu Glu	Lys Val Ala Ile Cys	
18245	18250	18255	
ttt acg gcg gat aaa	ctg cgc cta aat agt	gtg tat gtt gcc atg	98509
Phe Thr Ala Asp Lys	Leu Arg Leu Asn Ser	Val Tyr Val Ala Met	
18260	18265	18270	
tcg cgt acg gtc tcc	tct agg ttc tta aaa	atg aat cta aac cct	98554
Ser Arg Thr Val Ser	Ser Arg Phe Leu Lys	Met Asn Leu Asn Pro	
18275	18280	18285	
cta cgg gaa cga tat	gaa aaa tcc gca gaa	att agc gat cac att	98599

Leu	Arg	Glu	Arg	Tyr	Glu	Lys	Ser	Ala	Glu	Ile	Ser	Asp	His	Ile
18290					18295					18300				
ctt	gcc	gct	cta	cgt	gat	ccc	aac	gta	cac	gtt	gtg	tat	taa	98641
Leu	Ala	Ala	Leu	Arg	Asp	Pro	Asn	Val	His	Val	Val	Tyr		
18305					18310									
agcattgtat	aaaaaacacgc	atgcgggctt	gctgttctca	tttcttaggtt	ttgtcttaaa									98701
tacacccgcc	atgagcatct	ctggaccccc	aacgacgttt	attttatata	ggttacatgg									98761
ggtaggcgg	gttcttcact	ggactttacc	ggatcatgaa	caaacactct	acgcattac									98821
gggtgggtca	agatcaatgg	cggtaagac	ggacgctcg	tgtgatacaa	tgagcggtgg									98881
tatgatcgtc	cttcaacaca	cccatacagt	gaccctgcta	accatagact	gttctactga									98941
cttttcatca	tacgcattt	cgcacccgga	tttccactt	caggacaaac	cccacgcaac									99001
attingcgatg	ccgttatgt	cctgggtcgg	ttctgaccca	acatctcagc	tgtacagtaa									99061
tgtggggggg	gtactatccg	taataacgga	agatgaccta	tccatgtgt	tctcaattgt									99121
tatatacgtt	ttacggtaa	acagacctga	cgatcagacc	acaccaacac	caacccgca									99181
ccagtataca	tcgcaaaggc	ggcagcctga	aaccaactgt	ccttctcac	cacaaccggc									99241
cttttcaca	tcagacgacg	acgttcttc	gttaatatta	cgggacgccc	caaacgcgt									99301
aagacagatt	caagactaac	atttatcca	actgattaca	tttcatacgc	gaataaacga									99361
cacaaaaaat	ttatatttaa	cggctttaa	tttgaagaca	cctatcctct	taacgttcat									99421
gagccttgca	ggtaggtgc	cgcgcac	cgttata	cataaccgt	ttaccgttt									99481
tacggcagtc	tgaccattt	ccagtgtatg	tctgtat	gacgtgttg	tgtccgaca									99541
aaattaactc	gcgtacaaat	ttctgtat	ccccggcgt	ggcaacgctg	gcattccaa									99601
acacattacg	ttctcgtag	tccatgaccg	ctatccat	tattaattgg	ttggcggtc									99661
aaagtatttt	ccttatgtaa	aaggacacga	tctaaagccg	taaactcata	cacaaacact									99721
ggtaccaacg	gacgcgattt	tccgtccgtt	gagcgggtgt	aatatcgccg	aggcttctt									99781
gcacgaatac	tctcgtag	taggttctg	acacgggtg	catgggttt	ttgacacaac									99841
acaaacattt	gcaggctt	atgactggat	ggattgaatt	tatTTTGA	tagggtcacg									99901
tgttttgc	gtgacacg	tcgaccagaa	aaggctgcgg	tttgcgtaca	cgcgaccgtt									99961

atttcacagg cgttcataac caagctgcgg cgatggtgt cggttaattt tctccgcccc 100021  
agttcgtaa tagatgatac catgaacaac gtatcaaattt gtacatagtc gtcttggtt 100081  
ttctcaatac agccgcgtg cccaatcgga aattttcat ttgcatcaac gctattttct 100141  
gtaaaatcgt tctgaacact gtgttggctg gctacctgtt taaaatttgg gatcgaacac 100201  
ggtccacgat gcaatcccc accccattga agcaatgccg tcggtacgga aggaggcaac 100261  
tccgaaaaca ttatggtagc caagagggtc gattggagtg ttatataaca ctccaatcga 100321  
tctcgggttc gccttacgc gtaaaatact cattggctt aacgaaatgt cgacaattcc 100381  
gaaatggaac acgggacaat ggacggat ggcgtgtt tagcaccaga tgacatctt 100441  
aattcggtt ggttgtttc tgtcatgcg caccacag cataaaaact aaccctgtac 100501  
ggttctcgca taacctctgt agcacgcgtt gcaccagccg ccccccgcct aagtatacat 100561  
gcgaccccg agtcccgca cgaaccgtaa gcgtggattt cagcaataac accccctgcc 100621  
ttgccaact ctccaggcat ccgtgagtgg gcggagtcat atttgggtat gattccatga 100681  
ggccgc当地 aatatttttta agactagacg gtgggttat gccacgtttt acactaaacg 100741  
ctagcccatg tgcatgtccc gcggtaggat atggatctt accaataatt acaacgcgaa 100801  
tgctctgggg tccgcaaaat cgcgtccatg caaaaatatc gcctgttagat ggaagtattt 100861  
cttccctga atttaaaaga cgattgtatt ctaaaaaat accttcgcg tacggctctt 100921  
taagttcgtc cgacaacagg tcataaccact cagggaaat gttaaacttgc ctgaaaactt 100981  
caaccgaatc cagttcgaa gagacgggg tgaacgtttc cgtgtcgaa tgatgtgaca 101041  
tgttatttaa cttgaagggtt ggggggtcta gcttaacccc caaaggcagc cgcggggc 101101  
gcttgcgggt tttttggta accggatggg ccaaaacata aatgtccctt gaatccgata 101161  
gtttcatttc attggcatac gcgttggaaac aaacggtcgg ctcccccagac acatccattt 101221  
tccggatat ttgtggaaga tggagtagag tctacccata caccggaaag ggcacccaac 101281  
aaagcatcgc gtatgtcccc gctttatgt tcttcaccaa cagattgtgc cagcccttt 101341  
aaggtgacgt atggattgtt ccagtacgcc atttgggtt cttaaacca aagtataact 101401  
tccggtaactg gacatttgtt cttaccacg attcccgata gcgcctcgct gaggtttgat 101461

accgggggtg ccgcata gtc ccacgcctca tataccgatg acacgcacgg ttccgttata 101521  
atcaaactca catccgatag cggtttggct caaaaaaaca acggagtgtc gtcttgaga 101581  
tgaagacaat acgcgattgt gatagtttt aaaaaaacta tctgcagtaa ccatttatgt 101641  
gatgccatga cgcttgtgtt ttcccttcac tacgacgttg tcgtatcctt tgaaaaactt 101701  
gaccactcta atggaagcat ggacaagttt gatgtttata tatacagttg gccttagtt 101761  
aaactcttgg tgtcatatct cattttccta aaaaggcgta tcttaatatg tcaaacgtca 101821  
cggcgtgccc acaaagcgaa ttccatgca agatttggat gtagtattta tacacccat 101881  
cacatgtcac gtattaagct ttacagtccc ccgttatctg atataatcac tttcttaac 101941  
acgtcatcg gaaaacagat gtttatatta tacctctcgc ggtcatttac ggcaaatact 102001  
tagaccgtt tcaagcggac tgaaaacgct caaattgcct tttggaggcc tgcccaacgg 102061  
ccattatccc ttggatctaa gattgatttgc cgtaacgtt tgccaatcaa gctttaaaaa 102121  
cgtacccaa actaaaaacg ctcaaattgc ctttggagg cctgccccac ggccattatc 102181  
ccttggatct gagatttgatt tacggtaacg tttgcaccc ccacgcattt cagtttaat 102241  
atttctaagc attcttagtg cgtacttggc agcgtgttta aaatatcaac caatatccat 102301  
tatgctacac gttcccttct atccgttca atccattaaa agtccattaa caaaaatgtat 102361  
gcatcataacc taatcacct aaaaacctga ctcattgcag cagcgttcc tcctgcaga 102421  
ctatccagtt ggcattttaa acgggtccgg ctgcctaaac cgaaaaacacc gttgccttta 102481  
ctgtaagtac aaaactaaaa ttatatttg cgtgcgttta ttgtacata tatgccttt 102541  
atccccccgc aagttgctt taccctcgcc ttcaccaccc ccggccaccc ttccgttata 102601  
taataacttt aattgctata agacataccc aaaccggatg attttgccc ctggaaaaac 102661  
agcttctaat ttcccgctt caactcgcc ttgggtgcatt ctccaagtat accttttagtt 102721  
tgctccgtt gaggtgtata aatacaaacg gtgacaagta ttgagcgtaa tctcaaattt 102781  
ttgtatatttgc agagcaggat gccccgggtt ctccgagacc ggattgcggg cattccgaat 102901  
cgtgtacggc cttaccagggg ggcagtattt acaccttggg ttccagatat accaaccctt 102961

acgaccaata gcaacactca ggtattttta aaatgcacgt ttaatgatca taatttacat 103021  
acagttggta ataaaggaga ctgtggatgt ttaaggcatt tcctcccccc tcccaacaaa 103081  
ctaggacttc ttcatcttgtt ttggaaatacc ttacccgct ttaccggcag agctttttt 103141  
ggtaaggtgt ttcaagtgaac ctgatgtga tccggagggtg gagggggtat tggactcccc 103201  
ctgtggagag gcaactttgc gggtttact tcccttacat gccgaatcag actcagatgt 103261  
caggtctatt gttaagcatc gttaacgtc tctgccggta tgaaataaac ggccgttagc 103321  
accccttgcg cttcccggtt taatccccgg taacacagaaa aaaagcctga cttttgccc 103381  
tgtatttacc aatcgggtat cccttcatc gccacgagag gtctccccgg ttgaggttgt 103441  
ttctggtcct acaattggac ctgtaattag ttggatggct gtatcttcc aggtccaggt 103501  
ttgcatggtt aggccgggtt gatcggtaca tcgatccaac aagaataaca tgtttgtac 103561  
aaccggtcct gttgaatcat gcaaaagaca acgcagggat gttttaatc ccgcctcatc 103621  
acgcccgtaa atacctatat agttaatat caacattttt gtaggctcta caattcggg 103681  
ttgatacagt tccgcaagtt gatcatcaag ccatccgagt aaagggttgc tgtaacacgg 103741  
gaatctcgcg tttccctctg ttcctctatc cgtggctcga aaaggcagtc tgtccatgg 103801  
tcgtgggtct tgattaattc ccacagatac tggacgatca cggtagtcct gccccccgg 103861  
ccgggggtgc tgtcagatt caatcgagcc atacaccacc ggggtcgccg atcgaacagc 103921  
aggttggtct ttaaaaaaaata cttccgtaa aaatgatgcg gtagagcatg tttggttac 103981  
accagggctc gagtctcggg tcgggtggttg tatagaatcc tggtagaggt cacttggta 104041  
ctctgctgtg ggctctctag ccgacgattt aagggccca gggttgggtg attgaatggg 104101  
ctcccgactc gatcttgatg ttggctgttg gatggactcc cgactcggtc ctggccttgg 104161  
tggcagaaga tctatgacat ctcccgtagt gatgtcgatg gaatcttcaa atgacggctc 104221  
agaaaaacca tcgtcggtgg atgggtgcac ttcatattcc ttgttaacttg tatcacttac 104281  
gatcttatgc aggatggatt gcactggaca ccggcagaga ggacactgga cgctgggtgga 104341  
ggtccatgcc cgaataaaaaa caaaggcagaa gtcgtcaaa cacggcatgg ttggccgag 104401  
atcggaaacg gtgctcatgc atatggtgca ggtattatcc gaagcgtcgg aggtgccgct 104461

accgccccgt aatatggtat ccatggtaac aactggctgt attctaattgt ccgggcattcc 104521  
aaacacgtag cagaactgcc atgcgttcta aattgtgagt tgtggcgagt acattttat 104581  
aattggtacc aacgaagaca cacccctata tccctccacc catttcttt aagtcccacc 104641  
cactaaaacg tgggtataaa atgtgtattg ggtaggcgg acagtcccaa caaacaggga 104701  
agttgattgg tataaccttg ggccgggtat acagctaagt gacatttttag attctgtctt 104761  
tattnagata aagagcgata cgaagacatt tctccacccc cctgttaatac ccgtaaataa 104821  
aggttaagtcc acaaacaaaa gcactgtata taggaagtctg ggtgtattgg gacagttact 104881  
ccattagagg cgtacaaaca atactggat agggtaatgc aagtcccccc cgatggtcgc 104941  
cccgcaaaacg cgccgggagg tgggtcgct ttttttttc tctctcgagg gggccgcgag 105001  
agggctggcc tcctctcccg gggtccgccc ggcgcggcaga aaccgggggg gggttattt 105061  
cgggggggggg tccgaccagc ccgccccgtc cccgccccca cagacagaca gacactttt 105121  
tcataaaaaac cgttccgctt ttattaacaa caaacagtcc gcgcgccagt ggcgctcacg 105181  
agaaaaggag gggactccgt caccccgac tctgcgggg gctccctccc ccgcgcctc 105241  
cccacacatc gtcctcggtcc tcggaggacg aggacgagga caacagctcc accttgaccg 105301  
ccgggcgcaa acccaccggg cggtctcgca gcacaccggg ggccaccgac acgatgctca 105361  
ccccaaagga tgaccccggt gcgtccccgt cgtccccgccc cccctcctcg ctgtcccacg 105421  
cgtttcaca ccccacctcc caatcgcca gctccaaagc gtgttctctg tcgtctgcgg 105481  
tgcgcgcgtg tcgccccgccc tgggtttctg acggccgttc cgagcccccgg tgggtgtccga 105541  
acacgaaccg tgttccgtcg ctcccctcca acaccgtctc cgccggccca aaaccggggcg 105601  
gccacattac tctggaaatc ggggggaggg cattccgagc ctcgtccgccc gacgcataca 105661  
cgccacccga ccgaccggcc acgggtggaa gcacgagtgg ttctgcggca gggtcgggtt 105721  
ccagcagggc gtggcgccaa aacaccctcg cccaggtggg tacgtcgccg gcctccggcc 105781  
cggcggccccc cggtctccgt ccctcgaa ggaagacggg tcgaagcgcg gcacccaggg 105841  
cccatcggtt tgctgcgcgg tggctatgtc ccgcctcgac cacaagtcg gctgccccga 105901  
gccccagacc ccgagactgt cgccgcgaggt ccttgcaacc gtcaaaaccc ggcagcacgt 105961

actgccggta ttcacggggc gacaggggga cgccgggtctt ggggcccgcg cgggtacaca 106021  
cggtgtatgc gacgttcca ccgcggcaca aacacagggg ttgttcgccc gggtacaggt 106081  
tggcaaacgc agtctcgata cgagcaaaac tcgctggccc aaaggtgcgc gacgatgcaa 106141  
acacggcccg ggcgagtcct tctgtgaccg ccgagtctgg ccatcggacg acggcctggg 106201  
cgtccggtgcg cgccggggcc cgacgtaca cgtgatactg agacaaagcg ggtccatccc 106261  
tgggccacct ctcgagggcc accgcgtcca acaccagcaa ccggcgccgg gcagaggcca 106321  
accgcgagcc tagatactcg acggccccgg caaaggccag gtctcgggtc gacagtaata 106381  
aaacgccccg ggcgttcaaa gcggacacgt ccggcgggccc ggtccagttc ccggccagg 106441  
catgagtgct cggcaggcac aaccggttac tcagggctgc caggaccaca gacagtcccc 106501  
ctcgggatgg actccatgac ggtcccgat ctgtcgcgag ggtgctctg agggggccgt 106561  
tgatgtcctc tccggcaac ggatcgtaga tgatcagaag ctcacatcc tccgggtctg 106621  
ggatctgcgc catccaggcg cacccgcgc gcagcgcctc cactccgctg ggtggacc 106681  
accgtcggtc tcctccgccc ggacgcccag cggcgatttc cgccaaggcg ccgggatcaa 106741  
agcttagcgc agggcgccag gccgtgggaa acaatgggtc gtcgaccaga cggcgatgg 106801  
ttcgggggt acagtacgcc ttgcgagcct ggtccgacgg gaccgggta tgcagggccc 106861  
cccgaaaaat acgccaaat cccccgttg gggccggtcc gtcaagtggc atcgattatta 106921  
cggcgggggg atccaccaca gggcccgagg tgatggtcac gggctcgat acccgctct 106981  
tggccttggaa aaccacatga tcgtctgaa cccggcgctc cgacgggt gtctccctaa 107041  
tcttgcgag gaggcttctg ctctcgactg gctggactt ggcgtgcgc ggagttcgta 107101  
aacgatcatc cgggtggacac acagaaagag agcgtgcggc ggccgacggc tgagggtcg 107161  
gagcctgtgt ggccgggggtt gttggagaag ggtgaccgcg ggagatccgc gcccggac 107221  
tggagcccggt tgcctcgaaa tatgccatgc tggcaaaggc tctgcggaga ctctgttagga 107281  
taaagtgttt ttggggccgg tcgtatcgac ggctcatagc cacggccgcg gccgcgtggg 107341  
ggagagccca gagggcctcc cccgtggcca tggcttcgccc tacatgcgga acgggagacg 107401  
ctacgctccc cgtaacggcg gtacccggccc gtcccggtgg caacagctt tggtagaact 107461

ggtcaggc cgagttgaca ccggcagct tgggttctg gagccatgct atagggtctc 107521  
tgtctggaca gtagatcagg ttaatcagcg cgccgtactg tctagccgga tctcccaact 107581  
ccggcacgta aagcggcacf gggtccgttg aggcctcgta acgagcccgc gccgctctca 107641  
cagcctcatc ctcccagtga ccctctctgg tctccccgga cggccaaac cgcaccctgt 107701  
tggatggag gggtgccgat ccgggccaag ggcttccgtc gggcatcatg agcggcccg 107761  
acaccggggg aattatcggg gttctggatc gcggcaggga aaatgatttc tgtctctggc 107821  
cccccggttc ccccgcaaga cgtttggtct tacgaatcct cggatcggga ccgctgatgg 107881  
atcgatatcc cggttggata ttttgttgc tcgaccaccatcattttag tccgaatcat 107941  
ccgaatttga cggggaaaggg gcgtgttcgc gtccggacct gctgcctgta gttcacttc 108001  
ccaccgaaac gcgcggggt tcatcgctt catcctccga tgacgatccc cacgacgagg 108061  
aagaggatga agacgaaaca aactcacgac tcttggctt tttctccact gggctgtcat 108121  
cctcaatcgg gtctggtgcg tggatcttc ccggcaggc caaaaacgct ctaggtttgc 108181  
cccccgacga acgtccaggc acgcgagggt ttataccccc ggcatcatgt tcccttggc 108241  
gggtatcatc ggtctcaaacc ggcaggtccg ctttgcccc cttagcggga acgctgtccg 108301  
aaaggacgtg gtacaattgc tcaaccggc cgggtacagg tccaccgggt ttccgcgc 108361  
ggagtggac cttaaccttc aaagtcttt tcttcggct ctccctgta gcgggccgtt 108421  
gagtttctg gagaactact ccgtcccccg atgcatgcgc atgaccgct tgctcatcgc 108481  
ccggctttt acccgagatg gactgagtt gtctgtctcg atggaccacc gacggcaaacc 108541  
ctggtaatt tcctctcgct gtttgcggg gtatagaccg ctggcttcc ctttgcgt 108601  
tcccggcggc gtctccaaca ggagacgcgg gggatacagg ggagaaggcc tgcggaaacg 108661  
gaggggtcgt acctctgccc gttcccat cgttcatcgg tggtttggaa gacctagcaa 108721  
gcttcgttcc gagagagact gtctcaaggg agcgatcggc tcctgttgggt tctcgccgc 108781  
cggcctccga gaatcggtg tggaagaccc cggccagcgg gattacaggc gagccattta 108841  
gatcctgacc gtcctcgcat acgtatcgat cttgtgttag ctcttcgcca acatcttccg 108901  
ttctgggttc tggtaagt cccgatacgg agggaaattga aacgatctcg tggccgtc 108961

ccaccatgac cccgttctct ccaaatacgta gatcgtcagg ctgactcgag gtgaccaccc 109021  
gggcctgtg ttcggcggcc gccgcggccg cgtccaacag gtccattaac tccaaagtat 109081  
caggcgaccc cgccgttgg ggtgttagagc gctgcattcgg cggcgatcc atcgactgg 109141  
ggtgaattta gacgtacccg agtttccaa acgctctcgc agcattcaaa ggattgcgat 109201  
tgcggttgtt gaggagttc caacagtact taaaacgtgt tgtccccccc cctcgaccgc 109261  
atatttcctc cccgtgtcgt caccgttaa atattctta tgataagacg atgtatgtat 109321  
tggacgagac tcgaggcggg aagttcatgg accatagtagt gcgttaagg agagaccgct 109381  
ggttggcgat gtacgcccgg tgtctatttc cgcatatc acaacatcat aacaaggat 109441  
accagacatg tgaatttcat ttacatatgt ttaaataaca accaatcatc gtgtgtctac 109501  
agacgatata taatatacat aaacacaatt ggggttgtct cacatgcaaa acatcttata 109561  
taacacgggt tgttccacc catccggcat ctagttatc aaatgcacgt cgacgggtgt 109621  
tttgggtccc tctccgtcgt cattacgttgc gcgcaatcaa caagcgtata caccaccacc 109681  
cctcccaacg attatgtcag gcggcacgaa gcccgcgata acccataaaa tacacacggg 109741  
gttgggtgt tcacgtaacc ccccgccgat ggggaggggg cgccgtaccc cgccgatggg 109801  
gagggggcgc ggtacccgc cgatgggag ggggcgcggt accccgcccga tggggagggg 109861  
gcgcggtacc ccgcgcgttgc ggagggggcgc cggtaccccg ccgatgttta taaccataat 109921  
tctctaaacc gttgttagaaa atcacaaaaa aatttattca aaaacaagtc gaagaacttc 109981  
atatctgagg catgtaaacc cggtcgact tcctgggttgaatgggttgggtgggggg 110041  
gtaaaaaagg ggggggggtta aattgggcgt ccgcgttgc gtgggtacg ccaatcgat 110101  
acactctttt gatctgcatt cgcaatccc gtttttacac tttatgggtt ttcatgtttt 110161  
ggcatgtgtc caaccaccgt tcgcactttc tttctatata tatatatata tatatatata 110221  
tatatagaga aagagagaga gtttcttgcgtt cgccgttgcgtt cccgcgtatgt cgccgtttta 110281  
tgggggtgtgg gcgggctttt cacagaatat atatattcca aatggagcgg caggctttt 110341  
aaaatcgatt tgacgtgata aaaaaaaaaaca cacggggccc cccctttt ttgggtttat 110401  
aaaggcaacc caatcgaagg tctccgcggcc cgaaatcccc cattgccatt ttacccaagt 110461

agccttattc atagatgtaa acgtttgggt gtgtgttttgc ttgtgcaggg ttcgtccgat 110521  
 tcataacgcg acagcgtcga gtcgggtta agggaaaagg ttactacggc cccaaggac 110580  
 atg ttt tgc acc tca ccg gct acg cgg ggc gac tcg tcc gag tca 110625  
 Met Phe Cys Thr Ser Pro Ala Thr Arg Gly Asp Ser Ser Glu Ser  
 18315 18320 18325  
 aaa ccc ggg gca tcg gtt gat gtt aac gga aag atg gaa tat gga 110670  
 Lys Pro Gly Ala Ser Val Asp Val Asn Gly Lys Met Glu Tyr Gly  
 18330 18335 18340  
 tct gca cca gga ccc ctg aac ggc cgg gat acg tcg cgg ggc ccc 110715  
 Ser Ala Pro Gly Pro Leu Asn Gly Arg Asp Thr Ser Arg Gly Pro  
 18345 18350 18355  
 ggc gcg ttt tgt act ccg ggt tgg gag atc cac ccg gcc agg ctc 110760  
 Gly Ala Phe Cys Thr Pro Gly Trp Glu Ile His Pro Ala Arg Leu  
 18360 18365 18370  
 gtt gag gac atc aac cgt gtt ttt tta tgt att gca cag tcg tcg 110805  
 Val Glu Asp Ile Asn Arg Val Phe Leu Cys Ile Ala Gln Ser Ser  
 18375 18380 18385  
 gga cgc gtc acg cga gat tca cga aga ttg cgg cgc ata tgc ctc 110850  
 Gly Arg Val Thr Arg Asp Ser Arg Arg Leu Arg Arg Ile Cys Leu  
 18390 18395 18400  
 gac ttt tat cta atg ggt cgc acc aga cag cgt ccc acg tta gcg 110895  
 Asp Phe Tyr Leu Met Gly Arg Thr Arg Gln Arg Pro Thr Leu Ala  
 18405 18410 18415  
 tgc tgg gag gaa ttg tta cag ctt caa ccc acc cag acg cag tgc 110940  
 Cys Trp Glu Glu Leu Leu Gln Leu Gln Pro Thr Gln Thr Gln Cys  
 18420 18425 18430  
 tta cgc gct act tta atg gaa gtg tcc cat cga ccc cct cgg ggg 110985  
 Leu Arg Ala Thr Leu Met Glu Val Ser His Arg Pro Pro Arg Gly  
 18435 18440 18445  
 gaa gac ggg ttc att gag gcg ccg aat gtt cct ttg cat agg agc 111030  
 Glu Asp Gly Phe Ile Glu Ala Pro Asn Val Pro Leu His Arg Ser  
 18450 18455 18460  
 gca ctg gaa tgt gac gta tct gat gat ggt ggt gaa gac gat agc 111075  
 Ala Leu Glu Cys Asp Val Ser Asp Asp Gly Gly Glu Asp Asp Ser  
 18465 18470 18475  
 gac gat gat ggg tct acg cca tcg gat gta att gaa ttt cgg gat 111120

Asp Asp Asp Gly Ser Thr Pro Ser Asp Val Ile Glu Phe Arg Asp  
 18480 18485 18490  
 tcc gac gcg gaa tca tcg gac ggg gaa gac ttt ata gtg gaa gaa 111165  
 Ser Asp Ala Glu Ser Ser Asp Gly Glu Asp Phe Ile Val Glu Glu  
 18495 18500 18505  
 gaa tca gag gag agc acc gat tct tgt gaa cca gac ggg gta ccc 111210  
 Glu Ser Glu Glu Ser Thr Asp Ser Cys Glu Pro Asp Gly Val Pro  
 18510 18515 18520  
 ggc gat tgt tat cga gac ggg gat ggg tgc aac acc ccg tcc cca 111255  
 Gly Asp Cys Tyr Arg Asp Gly Asp Gly Cys Asn Thr Pro Ser Pro  
 18525 18530 18535  
 aag aga ccc cag cgt gcc atc gag cga tac gcg ggt gca gaa acc 111300  
 Lys Arg Pro Gln Arg Ala Ile Glu Arg Tyr Ala Gly Ala Glu Thr  
 18540 18545 18550  
 gcg gaa tat aca gcc gcg aaa gcg ctc acc gcg ttg ggc gag ggg 111345  
 Ala Glu Tyr Thr Ala Ala Lys Ala Leu Thr Ala Leu Gly Glu Gly  
 18555 18560 18565  
 ggt gta gat tgg aag cga cgt cga cac gaa gcc ccg cgc cgg cat 111390  
 Gly Val Asp Trp Lys Arg Arg Arg His Glu Ala Pro Arg Arg His  
 18570 18575 18580  
 gat ata ccg ccc ccc cat ggc gtg tag tctttataaaa taaatacaat 111437  
 Asp Ile Pro Pro Pro His Gly Val  
 18585 18590  
 ggtttggctc gtgtttttt ttgatgtctg tctgtggggg agtggggtgt tgtggatatt 111497  
 agagggtaga gggtgctggt ttgaacgtct ccattaaccc acggggtccc cacacgggcc 111557  
 gtgtggt atg aat ctc tgc gga tcc cgc ggt gag cac ccg ggc ggt 111603  
 Met Asn Leu Cys Gly Ser Arg Gly Glu His Pro Gly Gly  
 18595 18600  
 gaa tat gcc gga ctt tac tgc aca cga cac gat acc ccc gcg cac 111648  
 Glu Tyr Ala Gly Leu Tyr Cys Thr Arg His Asp Thr Pro Ala His  
 18605 18610 18615  
 cag gct ctc atg aac gac gcc gaa cggt tac ttc gcc gcc gcg cta 111693  
 Gln Ala Leu Met Asn Asp Ala Glu Arg Tyr Phe Ala Ala Ala Leu  
 18620 18625 18630  
 tgc gcc ata tct acc gag gcc tac gag gct ttt ata cac agc ccc 111738  
 Cys Ala Ile Ser Thr Glu Ala Tyr Glu Ala Phe Ile His Ser Pro  
 18635 18640 18645

tcc gag aga ccg tgc gcg agt ttg tgg ggg agg gca aag gac gcc 111783  
 Ser Glu Arg Pro Cys Ala Ser Leu Trp Gly Arg Ala Lys Asp Ala  
 18650 18655 18660

ttc gga cgg atg tgc ggg gag ctc gca gcg gat aga caa cgt cca 111828  
 Phe Gly Arg Met Cys Gly Glu Leu Ala Ala Asp Arg Gln Arg Pro  
 18665 18670 18675

ccc tcg gtt ccg ccg atc cgc aga gcg gtg tta tcg tta tta cgc 111873  
 Pro Ser Val Pro Pro Ile Arg Arg Ala Val Leu Ser Leu Leu Arg  
 18680 18685 18690

gag caa tgc atg ccg gat cca caa tcg cat ctg gag ctc agc gag 111918  
 Glu Gln Cys Met Pro Asp Pro Gln Ser His Leu Glu Leu Ser Glu  
 18695 18700 18705

cggtctgata ttg atg gca tat tgg tgc tgt ttg gga cac gcc gga 111963  
 Arg Leu Ile Leu Met Ala Tyr Trp Cys Cys Leu Gly His Ala Gly  
 18710 18715 18720

ctt ccg act att gga ttg tcg ccc gat aat aaa tgc atc cgc gcc 112008  
 Leu Pro Thr Ile Gly Leu Ser Pro Asp Asn Lys Cys Ile Arg Ala  
 18725 18730 18735

gaa tta tat gac cgc ccc ggg gga att tgt cac agg ctt ttt gac 112053  
 Glu Leu Tyr Asp Arg Pro Gly Gly Ile Cys His Arg Leu Phe Asp  
 18740 18745 18750

gcg tac ctg ggc tgc ggg tcc ctt gga gtc cca aga acc tac gag 112098  
 Ala Tyr Leu Gly Cys Gly Ser Leu Gly Val Pro Arg Thr Tyr Glu  
 18755 18760 18765

aga tcc tga cacccatcc ctttatatag aaaaaaaaaaaa taaatttaaa 112147  
 Arg Ser  
 18770

acatacacccg gataaaagcg tactgtttt tatttaatt tacacgctcg gcgttgcccc 112207

ggttcggtga tcaccgggtc ttatctatat acaccgtgta actcgaaccc ccgtgactcc 112267

ctccaatcgc gttaccaaac tcttcttccg tatccgtaga ttccgagtcc tcgaaatcgt 112327

ccacttatcc aacaaattgt gacgttatat atcccaaggc aaaggccgct cccgtcatag 112387

caaataaaaa gacaattatt agcgtaatat aacagaattt tttacgatga tatattttat 112447

gttgatattt tccaattcga cgcaaaaatt catctgccgt ttcattttcg ctatcactat 112507

aataaacactt ttcaatcgaa cggctcggtt gtatggctgt tatcgttgta ttatgggtt 112567

gcgctcgccg ggttaccacc gcttccatca gtaaggccac ggcctcaccc tccatggtgt 112627  
 tttgtccggc catagaaatc cagattgtaa gcccagcagg ctagttaaa agtgttaat 112687  
 accacacctt ttgatatttatacatgca agattctaga ttattcatca ataggtcggt 112747  
 taaagcgcgt ttcataaac gttgtcagct ataccgacat tctcacaaag aggtaaagtt 112807  
 accttacgtt attattaaat aaaacatgtt gacattatta ataatcctag gaacaatcaa 112867  
 atccatattt gtaagttatg tttaccctt ccccttttg tcattatctc cgccctctta 112927  
 taatcggtc actttataag tgtgtcggtg agtataatgtt gtacagttgt tggacaacag 112987  
 gttttgggtt cattaacact atcaacataa gtcgggtat acaagtata atg aac gac 113045  
 Met Asn Asp

gtt gat gca aca gac acc ttt gtt gga caa gga aag ttc cgt ggc 113090  
 Val Asp Ala Thr Asp Thr Phe Val Gly Gln Gly Lys Phe Arg Gly  
 18775 18780 18785

gcc atc tca aca tca ccg tca cat att atg caa aca tgt ggg ttt 113135  
 Ala Ile Ser Thr Ser Pro Ser His Ile Met Gln Thr Cys Gly Phe  
 18790 18795 18800

ata caa cag atg ttt cca gtt gaa atg tcg ccc ggc ata gaa tct 113180  
 Ile Gln Gln Met Phe Pro Val Glu Met Ser Pro Gly Ile Glu Ser  
 18805 18810 18815

gag gat gat ccc aat tat gac gtt aac atg gat ata cag tct ttt 113225  
 Glu Asp Asp Pro Asn Tyr Asp Val Asn Met Asp Ile Gln Ser Phe  
 18820 18825 18830

aat ata ttt gat ggt gta cac gaa act gaa gcc gaa gcc tct gtg 113270  
 Asn Ile Phe Asp Gly Val His Glu Thr Glu Ala Glu Ala Ser Val  
 18835 18840 18845

gca ttg tgc gca gaa gca cgc gtt gga att aat aaa gcg gga ttt 113315  
 Ala Leu Cys Ala Glu Ala Arg Val Gly Ile Asn Lys Ala Gly Phe  
 18850 18855 18860

gta ata tta aaa acg ttt aca cca ggg gcg gaa ggt ttt gcg ttt 113360  
 Val Ile Leu Lys Thr Phe Thr Pro Gly Ala Glu Gly Phe Ala Phe  
 18865 18870 18875

gcg tgt atg gac agt aaa aca tgt gaa cat gtg gtc att aaa gcg 113405  
 Ala Cys Met Asp Ser Lys Thr Cys Glu His Val Val Ile Lys Ala  
 18880 18885 18890

ggt	caa cgt caa gga acg	gcc acc gag gca acc	gtg tta aga gcg	113450
Gly	Gln Arg Gln Gly Thr	Ala Thr Glu Ala Thr	Val Leu Arg Ala	
18895	18900	18905		
tta	acc cac cca tcc gtt	gta cag ctt aaa gga	acg ttt acg tat	113495
Leu	Thr His Pro Ser Val	Val Gln Leu Lys Gly	Thr Phe Thr Tyr	
18910	18915	18920		
aac	aaa atg aca tgt ctt	ata tta cca cgt tac	cga aca gat tta	113540
Asn	Lys Met Thr Cys Leu	Ile Leu Pro Arg Tyr	Arg Thr Asp Leu	
18925	18930	18935		
tac	tgc tat cta gct gca	aag cgc aac ctc ccc	ata tgt gac att	113585
Tyr	Cys Tyr Leu Ala Ala	Lys Arg Asn Leu Pro	Ile Cys Asp Ile	
18940	18945	18950		
tta	gca att cag cga tct	gta tta cgc gcg tta	cag tat ctt cat	113630
Leu	Ala Ile Gln Arg Ser	Val Leu Arg Ala Leu	Gln Tyr Leu His	
18955	18960	18965		
aat	aac agt att att cac	cgt gat ata aaa tct	gaa aat ata ttt	113675
Asn	Asn Ser Ile Ile His	Arg Asp Ile Lys Ser	Glu Asn Ile Phe	
18970	18975	18980		
att	aac cac cca ggt gat	gtt tgt gtg gga gac	ttt gga gca gcg	113720
Ile	Asn His Pro Gly Asp	Val Cys Val Gly Asp	Phe Gly Ala Ala	
18985	18990	18995		
tgt	ttc ccc gtg gat att	aat gcc aac agg tat	tat ggc tgg gct	113765
Cys	Phe Pro Val Asp Ile	Asn Ala Asn Arg Tyr	Tyr Gly Trp Ala	
19000	19005	19010		
gga	aca atc gcc aca aac	tct cct gag tta ttg	gct aga gat cca	113810
Gly	Thr Ile Ala Thr Asn	Ser Pro Glu Leu Leu	Ala Arg Asp Pro	
19015	19020	19025		
tat	gga cct gcc gtg gac	ata tgg agt gcc ggg	att gta tta ttt	113855
Tyr	Gly Pro Ala Val Asp	Ile Trp Ser Ala Gly	Ile Val Leu Phe	
19030	19035	19040		
gaa	atg gct aca gga cag	aac tcg tta ttt gaa	cga gac ggt tta	113900
Glu	Met Ala Thr Gly Gln	Asn Ser Leu Phe Glu	Arg Asp Gly Leu	
19045	19050	19055		
gat	ggc aat tgt gac agt	gag cgt caa att aaa	ctt att ata cga	113945
Asp	Gly Asn Cys Asp Ser	Glu Arg Gln Ile Lys	Leu Ile Ile Arg	
19060	19065	19070		
cga	tct gga act cat ccc	aat gaa ttt ccc att	aac cct aca tca	113990

Arg Ser Gly Thr His Pro Asn Glu Phe Pro Ile Asn Pro Thr Ser  
 19075 19080 19085  
 aat ctt cgt cga caa tac att ggt ttg gca aaa cggtctctcga 114035  
 Asn Leu Arg Arg Gln Tyr Ile Gly Leu Ala Lys Arg Ser Ser Arg  
 19090 19095 19100  
 aaa ccc gga tcc agg cca ttg tgg aca aat cta tat gag ttg cca 114080  
 Lys Pro Gly Ser Arg Pro Leu Trp Thr Asn Leu Tyr Glu Leu Pro  
 19105 19110 19115  
 att gat ttg gag tat ttg ata tgt aag atg tta tcgtttgacgca 114125  
 Ile Asp Leu Glu Tyr Leu Ile Cys Lys Met Leu Ser Phe Asp Ala  
 19120 19125 19130  
 cgt cat cga cca tca gca gag gtg ttg ctt aac cac tct gtt ttc 114170  
 Arg His Arg Pro Ser Ala Glu Val Leu Leu Asn His Ser Val Phe  
 19135 19140 19145  
 caa act ctt ccc gat cca tat cca aat cca atg gaa gtt gga gat 114215  
 Gln Thr Leu Pro Asp Pro Tyr Pro Asn Pro Met Glu Val Gly Asp  
 19150 19155 19160  
 taa aattcattaa gcctgttaat aaaatattgt ataaattgtt tttataacgt 114268  
 ataaccgtt aaggcaaata gggtacaaac gcgcaatgtt ttgaaatact aatataaata 114328  
 acataaccaa tagaaactta atacagagtc acgccccatt acaacaagga taaaacacgg 114388  
 gatcatttc ttaacattgt agtagcgctg aaaagcgtcc ctcacagagc 114448  
 tgctttcgg ttagttggg tatactggtg cgcctcattt aatcgcg atg ttt tta 114504  
 Ile Gln Cys Leu Ile Ser Ala Val Ile Phe Tyr Ile Gln Val Thr  
 19170 19175 19180  
 Met Phe Leu  
 19165  
 atc caa tgt ttg ata tcg gcc gtt ata ttt tac ata caa gtg acc 114549  
 Ile Gln Cys Leu Ile Ser Ala Val Ile Phe Tyr Ile Gln Val Thr  
 19170 19175 19180  
 aac gct ttg atc ttc aag ggc gac cac gtg agc ttg caa gtt aac 114594  
 Asn Ala Leu Ile Phe Lys Gly Asp His Val Ser Leu Gln Val Asn  
 19185 19190 19195  
 agc agt ctc acg tct atc ctt att ccc atg caa aat gat aat tat 114639  
 Ser Ser Leu Thr Ser Ile Leu Ile Pro Met Gln Asn Asp Asn Tyr  
 19200 19205 19210  
 aca gag ata aaa gga cag ctt gtc ttt att gga gag caa cta cct 114684  
 Thr Glu Ile Lys Gly Gln Leu Val Phe Ile Gly Glu Gln Leu Pro  
 19215 19220 19225

acc ggg aca	aac tat agc gga aca	ctg gaa ctg tta tac	gcg gat 114729
Thr Gly Thr	Asn Tyr Ser Gly Thr	Leu Glu Leu Leu Tyr	Ala Asp
19230	19235	19240	
acg gtg gcg	ttt tgt ttc cgg tca	gta caa gta ata aga	tac gac 114774
Thr Val Ala	Phe Cys Phe Arg Ser	Val Gln Val Ile Arg	Tyr Asp
19245	19250	19255	
gga tgt ccc	cgg att aga acg agc	gct ttt att tcg tgt	agg tac 114819
Gly Cys Pro	Arg Ile Arg Thr Ser	Ala Phe Ile Ser Cys	Arg Tyr
19260	19265	19270	
aaa cat tcg	tgg cat tat ggt aac	tca acg gat cgg ata	tca aca 114864
Lys His Ser	Trp His Tyr Gly Asn	Ser Thr Asp Arg Ile	Ser Thr
19275	19280	19285	
gag ccg gat	gct ggt gta atg ttg	aaa att acc aaa ccg	gga ata 114909
Glu Pro Asp	Ala Gly Val Met Leu	Lys Ile Thr Lys Pro	Gly Ile
19290	19295	19300	
aat gat gct	ggt gtg tat gta ctt	ctt gtt cgg tta gac	cat agc 114954
Asn Asp Ala	Gly Val Tyr Val Leu	Leu Val Arg Leu Asp	His Ser
19305	19310	19315	
aga tcc acc	gat ggt ttc att ctt	ggt gta aat gta tat	aca gcg 114999
Arg Ser Thr	Asp Gly Phe Ile Leu	Gly Val Asn Val Tyr	Thr Ala
19320	19325	19330	
ggc tcg cat	cac aac att cac ggg	gtt atc tac act tct	ccg tct 115044
Gly Ser His	His Asn Ile His Gly	Val Ile Tyr Thr Ser	Pro Ser
19335	19340	19345	
cta cag aat	gga tat tct aca aga	gcc ctt ttt caa caa	gct cgt 115089
Leu Gln Asn	Gly Tyr Ser Thr Arg	Ala Leu Phe Gln Gln	Ala Arg
19350	19355	19360	
ttg tgt gat	tta ccc gcg aca ccc	aaa ggg tcc ggt acc	tcc ctg 115134
Leu Cys Asp	Leu Pro Ala Thr Pro	Lys Gly Ser Gly Thr	Ser Leu
19365	19370	19375	
ttt caa cat	atg ctt gat ctt cgt	gcc ggt aaa tcg tta	gag gat 115179
Phe Gln His	Met Leu Asp Leu Arg	Ala Gly Lys Ser Leu	Glu Asp
19380	19385	19390	
aac cct tgg	tta cat gag gac gtt	gtt acg aca gaa act	aag tcc 115224
Asn Pro Trp	Leu His Glu Asp Val	Val Thr Thr Glu Thr	Lys Ser
19395	19400	19405	
gtt gtt aag	gag ggg ata gaa aat	cac gta tat cca acg	gat atg 115269

Val	Val	Lys	Glu	Gly	Ile	Glu	Asn	His	Val	Tyr	Pro	Thr	Asp	Met
19410								19415					19420	
tcc	acg	tta	ccc	gaa	aag	tcc	ctt	aat	gat	cct	cca	gaa	aat	cta
Ser	Thr	Leu	Pro	Glu	Lys	Ser	Leu	Asn	Asp	Pro	Pro	Glu	Asn	Leu
19425							19430					19435		
ctt	ata	att	att	cct	ata	gta	gcg	tct	gtc	atg	atc	ctc	acc	gcc
Leu	Ile	Ile	Ile	Pro	Ile	Val	Ala	Ser	Val	Met	Ile	Leu	Thr	Ala
19440							19445					19450		
atg	gtt	att	gtt	att	gta	ata	agc	gtt	aag	cga	cgt	aga	att	aaa
Met	Val	Ile	Val	Ile	Val	Ile	Ser	Val	Lys	Arg	Arg	Arg	Ile	Lys
19455							19460					19465		
aaa	cat	cca	att	tat	cgc	cca	aat	aca	aaa	aca	aga	agg	ggc	ata
Lys	His	Pro	Ile	Tyr	Arg	Pro	Asn	Thr	Lys	Thr	Arg	Arg	Gly	Ile
19470							19475					19480		
caa	aat	gcg	aca	cca	gaa	tcc	gat	gtg	atg	ttg	gag	gcc	gcc	att
Gln	Asn	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Asp	Val	Met	Leu	Glu	Ala	Ala	Ile
19485							19490					19495		
gca	caa	cta	gca	acg	att	cgc	gaa	gaa	tcc	ccc	cca	cat	tcc	gtt
Ala	Gln	Leu	Ala	Thr	Ile	Arg	Glu	Glu	Ser	Pro	Pro	His	Ser	Val
19500							19505					19510		
gta	aac	ccg	ttt	gtt	aaa	tag	aactaattat	cccgatttt	atattaata				115590	
Val	Asn	Pro	Phe	Val	Lys									
19515														
aactatatgc	gttttatata	gcgttttgat	tacgcgttgt	gatatgaggg	gaaggattaa								115650	
gaatctccta	actataagtt	aacacgccc	catttggcg	gggatgtttt	atgaagcctt								115710	
aaaggccgag	ctggtataca	cgagagcagt	ccatggttt	agacctcg	cgaaattgcgt								115770	
ggttttaagt	gactatattc	cgagggtcgc	ctgtaat	atg	ggg	aca	gtt	aat					115822	
				Met	Gly	Thr	Val	Asn						
				19520										
aaa	cct	gtg	gtg	ggg	gta	ttg	atg	ggg	ttc	gga	att	atc	acg	gga
Lys	Pro	Val	Val	Gly	Val	Leu	Met	Gly	Phe	Gly	Ile	Ile	Thr	Gly
19525						19530					19535			
acg	ttg	cgt	ata	acg	aat	ccg	gtc	aga	gca	tcc	gtc	ttg	cga	tac
Thr	Leu	Arg	Ile	Thr	Asn	Pro	Val	Arg	Ala	Ser	Val	Leu	Arg	Tyr
19540						19545					19550			
gat	gat	ttt	cac	acc	gat	gaa	gac	aaa	ctg	gat	aca	aac	tcc	gta
														115957

Asp	Asp	Phe	His	Thr	Asp	Glu	Asp	Lys	Leu	Asp	Thr	Asn	Ser	Val
19555					19560					19565				
tat	gag	cct	tac	tac	cat	tca	gat	cat	gcg	gag	tct	tca	tgg	gta
Tyr	Glu	Pro	Tyr	Tyr	His	Ser	Asp	His	Ala	Glu	Ser	Ser	Trp	Val
19570					19575					19580				
aat	cgg	gga	gag	tct	tcg	cga	aaa	gcg	tac	gat	cat	aac	tca	cct
Asn	Arg	Gly	Glu	Ser	Ser	Arg	Lys	Ala	Tyr	Asp	His	Asn	Ser	Pro
19585					19590					19595				
tat	ata	tgg	cca	cgt	aat	gat	tat	gat	gga	ttt	tta	gag	aac	gca
Tyr	Ile	Trp	Pro	Arg	Asn	Asp	Tyr	Asp	Gly	Phe	Leu	Glu	Asn	Ala
19600					19605					19610				
cac	gaa	cac	cat	ggg	gtg	tat	aat	cag	ggc	cgt	ggt	atc	gat	agc
His	Glu	His	His	Gly	Val	Tyr	Asn	Gln	Gly	Arg	Gly	Ile	Asp	Ser
19615					19620					19625				
ggg	gaa	cgg	tta	atg	caa	ccc	aca	caa	atg	tct	gca	cag	gag	gat
Gly	Glu	Arg	Leu	Met	Gln	Pro	Thr	Gln	Met	Ser	Ala	Gln	Glu	Asp
19630					19635					19640				
ctt	ggg	gac	gat	acg	ggc	atc	cac	gtt	atc	cct	acg	tta	aac	ggc
Leu	Gly	Asp	Asp	Thr	Gly	Ile	His	Val	Ile	Pro	Thr	Leu	Asn	Gly
19645					19650					19655				
gat	gac	aga	cat	aaa	att	gta	aat	gtg	gac	caa	cgt	caa	tac	ggt
Asp	Asp	Arg	His	Lys	Ile	Val	Asn	Val	Asp	Gln	Arg	Gln	Tyr	Gly
19660					19665					19670				
gac	gtg	ttt	aaa	gga	gat	ctt	aat	cca	aaa	ccc	caa	ggc	caa	aga
Asp	Val	Phe	Lys	Gly	Asp	Leu	Asn	Pro	Lys	Pro	Gln	Gly	Gln	Arg
19675					19680					19685				
ctc	att	gag	gtg	tca	gtg	gaa	gaa	aat	cac	ccg	ttt	act	tta	cgc
Leu	Ile	Glu	Val	Ser	Val	Glu	Glu	Asn	His	Pro	Phe	Thr	Leu	Arg
19690					19695					19700				
gca	ccg	att	cag	cg	att	tat	gga	gtc	cgg	tac	acc	gag	act	tgg
Ala	Pro	Ile	Gln	Arg	Ile	Tyr	Gly	Val	Arg	Tyr	Thr	Glu	Thr	Trp
19705					19710					19715				
agc	ttt	ttg	ccg	tca	tta	acc	tgt	acg	gga	gac	gca	gcg	ccc	gcc
Ser	Phe	Leu	Pro	Ser	Leu	Thr	Cys	Thr	Gly	Asp	Ala	Ala	Pro	Ala
19720					19725					19730				
atc	cag	cat	ata	tgt	tta	aaa	cat	aca	aca	tgc	ttt	caa	gac	gtg
Ile	Gln	His	Ile	Cys	Leu	Lys	His	Thr	Thr	Cys	Phe	Gln	Asp	Val
19735					19740					19745				

gtg gtg	gat gtg gat tgc	gaa aat act aaa gag	gat cag ttg	116542
Val Val	Asp Val Asp Cys	A1a Glu Asn Thr Lys	Glu Asp Gln Leu	
19750	19755	19760		
gcc gaa	atc agt tac cgt ttt	caa ggt aag aag gaa	gcg gac caa	116587
Ala Glu	Ile Ser Tyr Arg Phe	Gln Gly Lys Lys	Glu Ala Asp Gln	
19765	19770	19775		
ccg tgg	att gtt gta aac acg	agc aca ctg ttt gat	gaa ctc gaa	116632
Pro Trp	Ile Val Val Asn Thr	Ser Thr Leu Phe Asp	Glu Leu Glu	
19780	19785	19790		
tta gac	ccc ccc gag att gaa	ccg ggt gtc ttg aaa	gta ctt cgg	116677
Leu Asp	Pro Pro Glu Ile Glu	Pro Gly Val Leu Lys	Val Leu Arg	
19795	19800	19805		
aca gaa	aaa caa tac ttg ggt	gtg tac att tgg aac	atg cgc ggc	116722
Thr Glu	Lys Gln Tyr Leu Gly	Val Tyr Ile Trp Asn	Met Arg Gly	
19810	19815	19820		
tcc gat	ggt acg tct acc tac	gcc acg ttt ttg gtc	acc tgg aaa	116767
Ser Asp	Gly Thr Ser Thr Tyr	Ala Thr Phe Leu Val	Thr Trp Lys	
19825	19830	19835		
ggg gat	gaa aaa aca aga aac	cct acg ccc gca gta	act cct caa	116812
Gly Asp	Glu Lys Thr Arg Asn	Pro Thr Pro Ala Val	Thr Pro Gln	
19840	19845	19850		
cca aga	ggg gct gag ttt cat	atg tgg aat tac cac	tcg cat gta	116857
Pro Arg	Gly Ala Glu Phe His	Met Trp Asn Tyr His	Ser His Val	
19855	19860	19865		
ttt tca	gtt ggt gat acg ttt	agc ttg gca atg cat	ctt cag tat	116902
Phe Ser	Val Gly Asp Thr Phe	Ser Leu Ala Met His	Leu Gln Tyr	
19870	19875	19880		
aag ata	cat gaa gcg cca ttt	gat ttg ctg tta gag	tgg ttg tat	116947
Lys Ile	His Glu Ala Pro Phe	Asp Leu Leu Leu Glu	Trp Leu Tyr	
19885	19890	19895		
gtc ccc	atc gat cct aca tgt	caa cca atg cggtta	tat tct acg	116992
Val Pro	Ile Asp Pro Thr Cys	Gln Pro Met Arg Leu	Tyr Ser Thr	
19900	19905	19910		
tgt ttg	tat cat ccc aac gca	ccc caa tgc ctc tct	cat atg aat	117037
Cys Leu	Tyr His Pro Asn Ala	Pro Gln Cys Leu Ser	His Met Asn	
19915	19920	19925		
tcc ggt	tgt aca ttt acc tcg	cca cat tta gcc cag	cgt gtt gca	117082

Ser	Gly	Cys	Thr	Phe	Thr	Ser	Pro	His	Leu	Ala	Gln	Arg	Val	Ala
19930						19935					19940			
agc	aca	gtg	tat	caa	aat	tgt	gaa	cat	gca	gat	aac	tac	acc	gca
Ser	Thr	Val	Tyr	Gln	Asn	Cys	Glu	His	Ala	Asp	Asn	Tyr	Thr	Ala
19945						19950					19955			
tat	tgt	ctg	gga	ata	tct	cat	atg	gag	cct	agc	ttt	ggt	cta	atc
Tyr	Cys	Leu	Gly	Ile	Ser	His	Met	Glu	Pro	Ser	Phe	Gly	Leu	Ile
19960						19965					19970			
tta	cac	gac	ggg	ggc	acc	acg	tta	aag	ttt	gta	gat	aca	ccc	gag
Leu	His	Asp	Gly	Gly	Thr	Thr	Leu	Lys	Phe	Val	Asp	Thr	Pro	Glu
19975						19980					19985			
agt	ttg	tcg	gga	tta	tac	gtt	ttt	gtg	gtg	tat	ttt	aac	ggg	cat
Ser	Leu	Ser	Gly	Leu	Tyr	Val	Phe	Val	Val	Tyr	Phe	Asn	Gly	His
19990						19995					20000			
gtt	gaa	gcc	gta	gca	tac	act	gtt	gta	tcc	aca	gta	gat	cat	ttt
Val	Glu	Ala	Val	Ala	Tyr	Thr	Val	Val	Ser	Thr	Val	Asp	His	Phe
20005						20010					20015			
gta	aac	gca	att	gaa	gag	cgt	gga	ttt	ccg	cca	acg	gcc	ggt	cag
Val	Asn	Ala	Ile	Glu	Glu	Arg	Gly	Phe	Pro	Pro	Thr	Ala	Gly	Gln
20020						20025					20030			
cca	ccg	gcg	act	act	aaa	ccc	aag	gaa	att	acc	ccc	gta	aac	ccc
Pro	Pro	Ala	Thr	Thr	Lys	Pro	Lys	Glu	Ile	Thr	Pro	Val	Asn	Pro
20035						20040					20045			
gga	acg	tca	cca	ctt	cta	cga	tat	gcc	gca	tgg	acc	gga	ggg	ctt
Gly	Thr	Ser	Pro	Leu	Leu	Arg	Tyr	Ala	Ala	Trp	Thr	Gly	Gly	Leu
20050						20055					20060			
gca	gca	gta	gta	ctt	tta	tgt	ctc	gta	ata	ttt	tta	atc	tgt	acg
Ala	Ala	Val	Val	Leu	Leu	Cys	Leu	Val	Ile	Phe	Leu	Ile	Cys	Thr
20065						20070					20075			
gct	aaa	cga	atg	agg	gtt	aaa	gcc	tat	agg	gta	gac	aag	tcc	ccg
Ala	Lys	Arg	Met	Arg	Val	Lys	Ala	Tyr	Arg	Val	Asp	Lys	Ser	Pro
20080						20085					20090			
tat	aac	caa	agc	atg	tat	tac	gct	ggc	ctt	cca	gtg	gac	gat	ttc
Tyr	Asn	Gln	Ser	Met	Tyr	Tyr	Ala	Gly	Leu	Pro	Val	Asp	Asp	Phe
20095						20100					20105			
gag	gac	tcg	gaa	tct	acg	gat	acg	gaa	gaa	gag	ttt	ggt	aac	gcg
Glu	Asp	Ser	Glu	Ser	Thr	Asp	Thr	Glu	Glu	Glu	Phe	Gly	Asn	Ala
20110						20115					20120			

att gga ggg agt cac ggg ggt tcg agt tac acg gtg tat ata gat 117667  
 Ile Gly Gly Ser His Gly Gly Ser Ser Tyr Thr Val Tyr Ile Asp  
 20125 20130 20135

aag acc cg<sup>g</sup> tga tcaccgaacc gggcaacgc cgagcgtgta aattaaata 117719  
 Lys Thr Arg  
 20140

aaaaacagta cgctttatc cggtgtatgt tttaaattta tttttttt ctatataaag 117779

ggatgggtg tcaggatctc tcgttagttc ttggactcc aaggacccg cagcccaggt 117839

acgcgtcaaa aagcctgtga caaattcccc cggggcggtc atataattcg gcgcggatgc 117899

atttattatc gggcgacaat ccaatagtcg gaagtccggc gtgtccaaa cagcaccaat 117959

atgccatcaa tatcagccgc tcgctgagct ccagatgcga ttgtggatcc ggcatgcatt 118019

gctcgctaa taacgataac accgctctgc ggatcggcgg aaccgagggt ggacgttgc 118079

tatccgctgc gagctcccg cacatccgtc cgaaggcgtc cttgccctc ccccacaaac 118139

tcgcgcacgg tctctcgag gggctgtga taaaagcctc gtaggcctcg gtagatatgg 118199

cgcatagcgc ggcggcgaag taccgttcgg cgtcggtcat gagagcctgg tgccggggg 118259

tatcggtcg tgtcagtaa agtccggcat attcaccgccc cgggtgctca ccgcgggatc 118319

cgcagagatt cataccacac ggcccgtgt gggacccgt gggtaatgg agacgttcaa 118379

accagcaccc tctaccctct aatatccaca acacccact ccccacaga cagacatcaa 118439

aaaaagacac gagccaaacc attgtattta ttataaaga ctacacgcca tggggggcgc 118499

gtatatcatg ccggcgccgg gttcggtgc gacgtcgctt ccaatctaca ccccccctcgc 118559

ccaaacggt gagcgcttc gcggctgtat attccgcggt ttctgcaccc gcgtatcgct 118619

cgatggcacg ctgggtctc ttgggacg ggggttgca cccatcccg tctcgataac 118679

aatcgccggg taccgggtct ggttcacaag aatcggtgct ctccctgtat tcttcttcca 118739

ctataaagtc ttccccgtcc gatgattccg cgtcggaatc ccgaaattca attacatccg 118799

atggcgtaga cccatcatcg tcgctatcgt cttcaccacc atcatcagat acgtcacatt 118859

ccagtgcgt cctatgcaaa ggaacattcg gcgcctcaat gaaccgtct tccccccgag 118919

ggggtcgatg ggacacttcc attaaagtag cgcgtaagca ctgcgtctgg gtgggttcaa 118979

gctgtaccaa ttcctccag cacgctaacg tgggacgctg tctggtgcga cccattagat 119039  
aaaagtgcag gcatatgcgc cgcaatctc gtgaatctcg cgtgacgcgt cccgacgact 119099  
gtgcaataca taaaaaaaca cggttgatgt cctcaacgag cctggccggg tggatctccc 119159  
aaccggagt acaaaacgcf ccggggcccc gcgacgtatc ccggccgttc aggggtcctg 119219  
gtcagatcc atattccatc tttccgttaa catcaaccga tgccccgggt tttgactcgg 119279  
acgagtcgcc ccgcgtagcc ggtgagggtgc aaaacatgtc cttggggccg tagtaacctt 119339  
ttcccttaaa accgactcga cgctgtcgcg ttatgaatcg gacgaaccct gcacaacaaa 119399  
acacacaccc aaacgtttac atctatgaat aaggctactt gggtaaaatg gcaatggggg 119459  
attccggggc gggagacctt cgattgggtt gccttataa cacaaaaaaa agggggggc 119519  
cccggtgttt ttttttatac acgtcaaatac gatTTaaaaa agcctgcccgc tccatttgg 119579  
atatatatat tctgtaaaaa gcccgcaccc accccataaa accgcgacat cgccggaaaca 119639  
cgccgcaaca agaaactctc tctcttctc tatatatata tatatatata tatatatata 119699  
tagaaagaaa gtgcgaacgg tggttggaca catgccaAAA catgaaaacc catacagtga 119759  
aaaaacggga agtgcgaatg cagatcaaaa gagtgatcc gattggcgta caccacagac 119819  
atgcggacgc ccaatttaac cccccccctt tttcaccccc ccacccacc ccattccacc 119879  
ccaggaagtg cgaacgggtt tacatgcctc agatatgaag ttcttcgact tgTTTTgaa 119939  
taaattttt tgtgattttc tacaacggtt tagagaatta tggttataaa catcgccggg 119999  
gtaccgcgcc ccctccccat cggcgggta ccgcgcggg tcccatcg 120059  
cgccccctcc ccatcgccgg ggtaccgcgc cccctcccc tcggcggggt accgcgcggg 120119  
ctccccatcg gcggggggtt acgtgaacac cacaaccccg tgtgtatTT atgggttatac 120179  
gcgggcttcg tgccgcctga cataatcggtt gggagggtg gtggtgtata cgcttgtga 120239  
ttgcgcgaac gtaatgacga cggagaggga cccaaacaca ccgtcgacgt gcatttgatt 120299  
aactagatgc cggatgggtg gaaacaaccc gtgttatata agatgtttt catgtgagac 120359  
aaccggattt gtgttatgtt atattatata tcgtctgtatc acacacgatg attgggttattt 120419  
atTTaaacat atgtaaatga aattcacatg tctggtatcc cttgttatga tggtaagg 120479

tatgcggaaa tagacaccgg gcgtacatcg ccaaccagcg gtcttcctt aaacgcatac 120539  
 tatggccat gaactcccg cctcgagtct cgtccaatca ctacatcgct ttatcattaa 120599  
 gaatatttac acggtgacga cacgggagg aaatatgcgg tcgaggggg ggcacaacac 120659  
 gtttaagta ctgttggAAC tccctcacca accgcaatcg caatccttg aaggctgcga 120719  
 gagcgTTTGG aaaactcgGG tacgtctaaa ttcaCCCCAG tgCG atG gAT acG 120772  
 Met Asp Thr

ccg ccg atg cag cgc tct aca ccc caa cgc gcg ggg tcg cct gat 120817  
 Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser Pro Asp  
 20145 20150 20155

act ttg gag tta atg gac ctg ttg gac gcg gcc gcg gcg gcc gcc 120862  
 Thr Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala Ala  
 20160 20165 20170

gaa cac agg gcc cgG gtG gtc acc tcg agt cag cct gac gat cta 120907  
 Glu His Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu  
 20175 20180 20185

cta ttt gga gag aac ggg gtc atg gtG gga cgG gaa cac gag atc 120952  
 Leu Phe Gly Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile  
 20190 20195 20200

gtt tca att ccc tcc gta tcg gga ctt caa cca gaa ccc aga acg 120997  
 Val Ser Ile Pro Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr  
 20205 20210 20215

gaa gat gtt ggc gaa gag cta aca caa gac gac tac gta tgc gag 121042  
 Glu Asp Val Gly Glu Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu  
 20220 20225 20230

gac ggt cag gat cta atg ggc tcg cct gta atc ccg ctg gcc gag 121087  
 Asp Gly Gln Asp Leu Met Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu  
 20235 20240 20245

gtc ttc cac acc cga ttc tcg gag gcc ggc gcg cga gaa cca aca 121132  
 Val Phe His Thr Arg Phe Ser Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr  
 20250 20255 20260

gga gcc gat cgc tcc ctt gag aca gtc tct ctc gga acg aag ctt 121177  
 Gly Ala Asp Arg Ser Leu Glu Thr Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu  
 20265 20270 20275

gct agg tct cca aaa cca ccg atg aac gat ggg gaa acg ggc aga 121222

Ala	Arg Ser Pro Lys Pro	Pro Met Asn Asp Gly	Glu Thr Gly Arg	
20280	20285	20290		
ggt	acg acc cct ccg ttc	ccg cag gcc ttc tcc	cct gta tcc ccc	121267
Gly	Thr Thr Pro Pro Phe	Pro Gln Ala Phe Ser	Pro Val Ser Pro	
20295	20300	20305		
gca	tct cct gtt gga gac	gcc gcc ggg aac gat	caa cgg gaa gac	121312
Ala	Ser Pro Val Gly Asp	Ala Ala Gly Asn Asp	Gln Arg Glu Asp	
20310	20315	20320		
cag	cgg tct ata ccc cga	caa acg acg aga gga	aat tca cca ggt	121357
Gln	Arg Ser Ile Pro Arg	Gln Thr Thr Arg Gly	Asn Ser Pro Gly	
20325	20330	20335		
ttg	ccg tcg gtg gtc cat	cga gac aga caa act	cag tcc atc tcg	121402
Leu	Pro Ser Val Val His	Arg Asp Arg Gln Thr	Gln Ser Ile Ser	
20340	20345	20350		
ggt	aaa aag ccg ggc gat	gag caa gcg ggt cat	gcg cat gca tcg	121447
Gly	Lys Lys Pro Gly Asp	Glu Gln Ala Gly His	Ala His Ala Ser	
20355	20360	20365		
ggg	gac gga gta gtt ctc	cag aaa act caa cgg	ccc gct cag gga	121492
Gly	Asp Gly Val Val Leu	Gln Lys Thr Gln Arg	Pro Ala Gln Gly	
20370	20375	20380		
aag	agc ccg aag aaa aag	act ttg aag gtt aag	gtc cca ctc ccg	121537
Lys	Ser Pro Lys Lys Lys	Thr Leu Lys Val Lys	Val Pro Leu Pro	
20385	20390	20395		
gca	cgg aaa ccc ggt gga	cct gta ccc ggc ccg	gtt gag caa ttg	121582
Ala	Arg Lys Pro Gly Gly	Pro Val Pro Gly Pro	Val Glu Gln Leu	
20400	20405	20410		
tac	cac gtc ctt tcg gac	agc gtt ccc gct aag	ggg gca aag gcg	121627
Tyr	His Val Leu Ser Asp	Ser Val Pro Ala Lys	Gly Ala Lys Ala	
20415	20420	20425		
gac	ctg ccg ttt gag acc	gat gat acc cgc cca	agg aaa cat gat	121672
Asp	Leu Pro Phe Glu Thr	Asp Asp Thr Arg Pro	Arg Lys His Asp	
20430	20435	20440		
gcc	cgg ggt ata aca cct	cgc gtc cct gga cgt	tcg tcg ggg ggc	121717
Ala	Arg Gly Ile Thr Pro	Arg Val Pro Gly Arg	Ser Ser Gly Gly	
20445	20450	20455		
aaa	cct aga gcg ttt ttg	gcc ctg ccg gga aga	tcc cac gca cca	121762
Lys	Pro Arg Ala Phe Leu	Ala Leu Pro Gly Arg	Ser His Ala Pro	
20460	20465	20470		

gac	ccg att gag gat gac	agc cca gtg gag aaa	aag cca aag agt	121807
Asp	Pro Ile Glu Asp Asp	Ser Pro Val Glu Lys	Lys Pro Lys Ser	
20475	20480	20485		
cgt	gag ttt gtt tcg tct	tca tcc tct tcc tcg	tcg tgg gga tcg	121852
Arg	Glu Phe Val Ser Ser	Ser Ser Ser Ser	Ser Trp Gly Ser	
20490	20495	20500		
tca	tcg gag gat gaa gac	gat gaa ccc cgg cgc	gtt tcg gtg gga	121897
Ser	Ser Glu Asp Glu Asp	Asp Glu Pro Arg Arg	Val Ser Val Gly	
20505	20510	20515		
agt	gaa act aca ggc agc	agg tcc gga cgc gaa	cac gcc cct tcc	121942
Ser	Glu Thr Thr Gly Ser	Arg Ser Gly Arg Glu	His Ala Pro Ser	
20520	20525	20530		
ccg	tca aat tcg gat gat	tcg gac tca aat gat	ggt ggg tcg acg	121987
Pro	Ser Asn Ser Asp Asp	Ser Asp Ser Asn Asp	Gly Gly Ser Thr	
20535	20540	20545		
aaa	caa aat atc caa ccg	gga tat cga tcc atc	agc ggt ccc gat	122032
Lys	Gln Asn Ile Gln Pro	Gly Tyr Arg Ser Ile	Ser Gly Pro Asp	
20550	20555	20560		
ccg	agg att cgt aag acc	aaa cgt ctt gcg ggg	gaa ccg ggg cgc	122077
Pro	Arg Ile Arg Lys Thr	Lys Arg Leu Ala Gly	Glu Pro Gly Arg	
20565	20570	20575		
cag	aga cag aaa tca ttt	tcc ctg ccg cga tcc	aga acc ccg ata	122122
Gln	Arg Gln Lys Ser Phe	Ser Leu Pro Arg Ser	Arg Thr Pro Ile	
20580	20585	20590		
att	ccc ccg gtg tcg ggg	ccg ctc atg atg ccc	gac gga agc cct	122167
Ile	Pro Pro Val Ser Gly	Pro Leu Met Met Pro	Asp Gly Ser Pro	
20595	20600	20605		
tgg	ccc gga tcg gca ccc	ctc cca tcc aac agg	gtg cgg ttt gga	122212
Trp	Pro Gly Ser Ala Pro	Leu Pro Ser Asn Arg	Val Arg Phe Gly	
20610	20615	20620		
ccg	tcc ggg gag acc aga	gag ggt cac tgg gag	gat gag gct gtg	122257
Pro	Ser Gly Glu Thr Arg	Glu Gly His Trp Glu	Asp Glu Ala Val	
20625	20630	20635		
aga	gcg gcg cgg gct cgt	tac gag gcc tca acg	gaa ccc gtg ccg	122302
Arg	Ala Ala Arg Ala Arg	Tyr Glu Ala Ser Thr	Glu Pro Val Pro	
20640	20645	20650		
ctt	tac gtg ccg gag ttg	gga gat ccg gct aga	cag tac cgc gcg	122347

Leu	Tyr	Val	Pro	Glu	Leu	Gly	Asp	Pro	Ala	Arg	Gln	Tyr	Arg	Ala
20655					20660					20665				
ctg	att	aac	ctg	atc	tac	tgt	cca	gac	aga	gac	cct	ata	gca	tgg
Leu	Ile	Asn	Leu	Ile	Tyr	Cys	Pro	Asp	Arg	Asp	Pro	Ile	Ala	Trp
20670					20675					20680				
ctc	cag	aac	ccc	aag	ctg	acc	ggt	gtc	aac	tcg	gcc	ctg	aac	cag
Leu	Gln	Asn	Pro	Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Asn	Ser	Ala	Leu	Asn	Gln
20685					20690					20695				
ttc	tac	caa	aag	ctg	ttg	cca	ccg	gga	cgg	gcg	ggt	acc	gcc	gtt
Phe	Tyr	Gln	Lys	Leu	Leu	Pro	Pro	Gly	Arg	Ala	Gly	Thr	Ala	Val
20700					20705					20710				
acg	ggg	agc	gta	gcf	tct	ccc	gtt	ccg	cat	gta	ggc	gaa	gcc	atg
Thr	Gly	Ser	Val	Ala	Ser	Pro	Val	Pro	His	Val	Gly	Glu	Ala	Met
20715					20720					20725				
gcc	acg	ggg	gag	gcc	ctc	tgg	gct	ctc	ccc	cac	gcg	gcc	gcg	gcc
Ala	Thr	Gly	Glu	Ala	Leu	Trp	Ala	Leu	Pro	His	Ala	Ala	Ala	Ala
20730					20735					20740				
gtg	gct	atg	agc	cgt	cga	tac	gac	cgg	gcc	caa	aaa	cac	ttt	atc
Val	Ala	Met	Ser	Arg	Arg	Tyr	Asp	Arg	Ala	Gln	Lys	His	Phe	Ile
20745					20750					20755				
cta	cag	agt	ctc	cgc	aga	gcc	ttt	gcc	agc	atg	gca	tac	ccc	gag
Leu	Gln	Ser	Leu	Arg	Arg	Ala	Phe	Ala	Ser	Met	Ala	Tyr	Pro	Glu
20760					20765					20770				
gca	acg	ggc	tcc	agt	ccg	gcg	gcf	ccg	atc	tcc	cgc	ggt	cac	cct
Ala	Thr	Gly	Ser	Ser	Pro	Ala	Ala	Arg	Ile	Ser	Arg	Gly	His	Pro
20775					20780					20785				
tct	cca	aca	acc	ccg	gcc	aca	cag	gct	ccc	gac	cct	cag	ccg	tcg
Ser	Pro	Thr	Thr	Pro	Ala	Thr	Gln	Ala	Pro	Asp	Pro	Gln	Pro	Ser
20790					20795					20800				
gcc	gcc	gca	cgc	tct	ctt	tct	gtg	tgt	cca	ccg	gat	gat	cgt	tta
Ala	Ala	Ala	Arg	Ser	Leu	Ser	Val	Cys	Pro	Pro	Asp	Asp	Arg	Leu
20805					20810					20815				
cga	act	ccg	cgc	aag	cgc	aag	tcc	cag	cca	gtc	gag	agc	aga	agc
Arg	Thr	Pro	Arg	Lys	Arg	Lys	Ser	Gln	Pro	Val	Glu	Ser	Arg	Ser
20820					20825					20830				
ctc	ctc	gac	aag	att	agg	gag	aca	ccc	gtc	gcf	gac	gcc	ccg	gtt
Leu	Leu	Asp	Lys	Ile	Arg	Glu	Thr	Pro	Val	Ala	Asp	Ala	Arg	Val
20835					20840					20845				

gca	gac gat cat gtg gtt	tcc aag gcc aag agg	cgg gta tcc gag 122932
Ala	Asp Asp His Val Val	Ser Lys Ala Lys Arg	Arg Val Ser Glu
20850	20855	20860	
ccc	gtg acc atc acc tcg	ggc cct gtg gtg gat	ccc ccc gcc gta 122977
Pro	Val Thr Ile Thr Ser	Gly Pro Val Val Asp	Pro Pro Ala Val
20865	20870	20875	
ata	acg atg cca ctt gac	gga ccg gcc cca aac	ggg gga ttt cgg 123022
Ile	Thr Met Pro Leu Asp	Gly Pro Ala Pro Asn	Gly Gly Phe Arg
20880	20885	20890	
cgt	att ccc cg <sup>g</sup> ggg gcc	ctg cat acc ccg gtc	ccg tcg gac cag 123067
Arg	Ile Pro Arg Gly Ala	Leu His Thr Pro Val	Pro Ser Asp Gln
20895	20900	20905	
gct	cgc aag gc <sup>g</sup> tac tgt	acc ccc gaa acc atc	gcc cgt ctg gtc 123112
Ala	Arg Lys Ala Tyr Cys	Thr Pro Glu Thr Ile	Ala Arg Leu Val
20910	20915	20920	
gac	gac cca ttg ttt ccc	acg gcc tgg cgc cct	g <sup>g</sup> cta agc ttt 123157
Asp	Asp Pro Leu Phe Pro	Thr Ala Trp Arg Pro	Ala Leu Ser Phe
20925	20930	20935	
gat	ccc ggc gcc ttg gc <sup>g</sup>	gaa atc gcc gct cgg	cgt ccg ggc gga 123202
Asp	Pro Gly Ala Leu Ala	Glu Ile Ala Ala Arg	Arg Pro Gly Gly
20940	20945	20950	
gga	gac cga cg <sup>g</sup> ttt ggt	cca ccc agc gga gtg	gag gcg ctg cga 123247
Gly	Asp Arg Arg Phe Gly	Pro Pro Ser Gly Val	Glu Ala Leu Arg
20955	20960	20965	
cgg	agg tgc gcc tgg atg	cg <sup>g</sup> cag atc cca gac	ccg gag gat gtg 123292
Arg	Arg Cys Ala Trp Met	Arg Gln Ile Pro Asp	Pro Glu Asp Val
20970	20975	20980	
agg	ctt ctg atc atc tac	gat ccg ttg ccc gga	gag gac atc aac 123337
Arg	Leu Leu Ile Ile Tyr	Asp Pro Leu Pro Gly	Glu Asp Ile Asn
20985	20990	20995	
ggc	ccc ctc gag agc acc	ctc gc <sup>g</sup> aca gat ccg	gga ccg tca tgg 123382
Gly	Pro Leu Glu Ser Thr	Leu Ala Thr Asp Pro	Gly Pro Ser Trp
21000	21005	21010	
agt	cca tcc cga ggg gga	ctg tct gtg gtc ctg	gca gcc ctg agt 123427
Ser	Pro Ser Arg Gly Gly	Leu Ser Val Val Leu	Ala Ala Leu Ser
21015	21020	21025	
aac	cg <sup>g</sup> ttg tgc ctg ccg	agc act cat gcc tgg	gcc ggg aac tgg 123472

Asn	Arg	Leu	Cys	Leu	Pro	Ser	Thr	His	Ala	Trp	Ala	Gly	Asn	Trp		
21030					21035					21040						
acc	ggc	ccg	ccg	gac	gtg	tcc	gct	ttg	aac	gcc	cgg	ggc	gtt	tta	123517	
Thr	Gly	Pro	Pro	Asp	Val	Ser	Ala	Leu	Asn	Ala	Arg	Gly	Val	Leu		
21045					21050					21055						
tta	ctg	tcg	acc	cga	gac	ctg	gcc	ttt	gcc	ggg	gcc	gtc	gag	tat	123562	
Leu	Leu	Ser	Thr	Arg	Asp	Leu	Ala	Phe	Ala	Gly	Ala	Val	Glu	Tyr		
21060					21065					21070						
cta	ggc	tcg	cg	ttg	gcc	tct	gcc	cg	cg	cg	ttg	ctg	gtg	ttg	123607	
Leu	Gly	Ser	Arg	Leu	Ala	Ser	Ala	Arg	Arg	Arg	Leu	Leu	Val	Leu		
21075					21080					21085						
gac	g	gtg	gcc	ctc	gag	agg	tgg	ccc	agg	gat	gga	ccc	gct	ttg	123652	
Asp	Ala	Val	Ala	Leu	Glu	Arg	Trp	Pro	Arg	Asp	Gly	Pro	Ala	Leu		
21090					21095					21100						
tct	cag	tat	cac	gtg	tac	gtc	cg	gcc	ccg	cg	cga	ccg	gac	gcc	123697	
Ser	Gln	Tyr	His	Val	Tyr	Val	Arg	Ala	Pro	Ala	Arg	Pro	Asp	Ala		
21105					21110					21115						
cag	gcc	gtc	gtc	cga	tgg	cca	gac	tcg	g	gtc	aca	gaa	gga	ctc	123742	
Gln	Ala	Val	Val	Arg	Trp	Pro	Asp	Ser	Ala	Val	Thr	Glu	Gly	Leu		
21120					21125					21130						
gcc	cgg	gcc	gtg	ttt	gca	tcg	tcg	cg	cc	ttt	ggg	cca	g	agt	123787	
Ala	Arg	Ala	Val	Phe	Ala	Ser	Ser	Arg	Thr	Phe	Gly	Pro	Ala	Ser		
21135					21140					21145						
ttt	gct	cgt	atc	gag	act	g	cg	ttt	gcc	aac	ctg	tac	ccg	ggc	gaa	123832
Phe	Ala	Arg	Ile	Glu	Thr	Ala	Phe	Ala	Asn	Leu	Tyr	Pro	Gly	Glu		
21150					21155					21160						
caa	ccc	ctg	tgt	ttg	tgc	cg	cg	gt	gg	aa	gtc	gca	tac	acc	gtg	123877
Gln	Pro	Leu	Cys	Leu	Cys	Arg	Gly	Gly	Gly	Asn	Val	Ala	Tyr	Thr	Val	
21165					21170					21175						
tgt	acc	cg	cg	gg	ccc	aag	acc	cg	gt	ccc	ctg	tcg	ccc	cgt	123922	
Cys	Thr	Arg	Ala	Gly	Pro	Lys	Thr	Arg	Val	Pro	Leu	Ser	Pro	Arg		
21180					21185					21190						
gaa	tac	cg	cag	tac	gtg	ctg	cg	gg	ttt	gac	ggt	tgc	aag	gac	123967	
Glu	Tyr	Arg	Gln	Tyr	Val	Leu	Pro	Gly	Phe	Asp	Gly	Cys	Lys	Asp		
21195					21200					21205						
ctc	g	cg	cga	cag	tct	cg	g	gt	gg	ctc	gg	gca	gcc	gac	ttt	124012
Leu	Ala	Arg	Gln	Ser	Arg	Gly	Leu	Gly	Leu	Gly	Ala	Ala	Asp	Phe		
21210					21215					21220						

gtg	gac gag gcg gca cat	agc cac cgc gca gca	aac cga tgg ggc	124057
Val	Asp Glu Ala Ala His	Ser His Arg Ala Ala	Asn Arg Trp Gly	
21225	21230	21235		
ctg	ggt gcc gcg ctt cga	ccc gtc ttc ctt ccc	gag gga cgg aga	124102
Leu	Gly Ala Ala Leu Arg	Pro Val Phe Leu Pro	Glu Gly Arg Arg	
21240	21245	21250		
ccg	ggg gcc gcc ggg ccg	gag gcc ggc gac gta	ccc acc tgg gcg	124147
Pro	Gly Ala Ala Gly Pro	Glu Ala Gly Asp Val	Pro Thr Trp Ala	
21255	21260	21265		
agg	gtg ttt tgc cgc cac	gcc ctg ctg gaa ccc	gac cct gcc gca	124192
Arg	Val Phe Cys Arg His	Ala Leu Leu Glu Pro	Asp Pro Ala Ala	
21270	21275	21280		
gaa	cca ctc gtg ctt cca	ccc gtg gcc ggt cg	tcg gtg gcg ctg	124237
Glu	Pro Leu Val Leu Pro	Pro Val Ala Gly Arg	Ser Val Ala Leu	
21285	21290	21295		
tat	gcg tcg gcg gac gag	gct cgg aat gcc ctc	ccc ccg att ccc	124282
Tyr	Ala Ser Ala Asp Glu	Ala Arg Asn Ala Leu	Pro Pro Ile Pro	
21300	21305	21310		
aga	gta atg tgg ccg ccc	ggt ttt ggg gcc gcg	gag acg gtg ttg	124327
Arg	Val Met Trp Pro Pro	Gly Phe Gly Ala Ala	Glu Thr Val Leu	
21315	21320	21325		
gag	ggg agc gac gga aca	cgg ttc gtg ttc gga	cac cac ggg ggc	124372
Glu	Gly Ser Asp Gly Thr	Arg Phe Val Phe Gly	His His Gly Gly	
21330	21335	21340		
tcg	gaa cgg ccg tca gaa	acc cag gcg ggg cga	cag cgg cgc acc	124417
Ser	Glu Arg Pro Ser Glu	Thr Gln Ala Gly Arg	Gln Arg Arg Thr	
21345	21350	21355		
gca	gac gac aga gaa cac	gct ttg gag ctg gac	gat tgg gag gtg	124462
Ala	Asp Asp Arg Glu His	Ala Leu Glu Leu Asp	Asp Trp Glu Val	
21360	21365	21370		
ggg	tgt gaa gac gcg tgg	gac agc gag gag ggg	ggc ggg gac gac	124507
Gly	Cys Glu Asp Ala Trp	Asp Ser Glu Glu Gly	Gly Gly Asp Asp	
21375	21380	21385		
ggg	gac gca ccg ggg tca	tcc ttt ggg gtg agc	atc gtg tcg gtg	124552
Gly	Asp Ala Pro Gly Ser	Ser Phe Gly Val Ser	Ile Val Ser Val	
21390	21395	21400		
gcc	ccg ggt gtg ctg cga	gac cgc cgg gtg ggt	ttg cgc ccg gcg	124597

Ala Pro Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Leu Arg Pro Ala  
21405 21410 21415

gtc aag gtg gag ctg ttg tcc tcg tcc tcg tcc tcc gag gac gag 124642  
Val Lys Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
21420 21425 21430

gac gat gtg tgg gga ggg cgc ggg ggg agg agc ccc ccg cag agt 124687  
Asp Asp Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser  
21435 21440 21445

cgg ggg tga cggagtcccc tcctttctc gtgagcgcca ctggcgcg 124736  
Arg Gly  
21450

gactgttgt tgttaataaa agcggAACGG ttttatgaa aaaagtgtct gtctgtctgt 124796

gcgggcgggc gacgggcggg ctggtcggac ccccccccga aaataacccc ccccccggttt 124856

ctgggcgccc ggcggacccc gggagagg 124884

<210> 9  
<211> 238  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster  
  
<400> 9

Met His Val Ile Ser Glu Thr Leu Ala Tyr Gly His Val Pro Ala Phe  
1 5 10 15

Ile Met Gly Ser Thr Leu Val Arg Pro Ser Leu Asn Ala Thr Ala Glu  
20 25 30

Glu Asn Pro Ala Ser Glu Thr Arg Cys Leu Leu Arg Val Leu Ala Gly  
35 40 45

Arg Thr Val Asp Leu Pro Gly Gly Thr Leu His Ile Thr Cys Thr  
50 55 60

Lys Thr Tyr Val Ile Ile Gly Lys Tyr Ser Lys Pro Gly Glu Arg Leu  
65 70 75 80

Ser Leu Ala Arg Leu Ile Gly Arg Ala Met Thr Pro Gly Gly Ala Arg

85

90

95

Thr Phe Ile Ile Leu Ala Met Lys Glu Lys Arg Ser Thr Thr Leu Gly  
 100 105 110

Tyr Glu Cys Gly Thr Gly Leu His Leu Leu Ala Pro Ser Met Gly Thr  
 115 120 125

Phe Leu Arg Thr His Gly Leu Ser Asn Arg Asp Leu Cys Leu Trp Arg  
 130 135 140

Gly Asn Ile Tyr Asp Met His Met Gln Arg Leu Met Phe Trp Glu Asn  
 145 150 155 160

Ile Ala Gln Asn Thr Thr Glu Thr Pro Cys Ile Thr Ser Thr Leu Thr  
 165 170 175

Cys Asn Leu Thr Glu Asp Ser Gly Glu Ala Ala Leu Thr Thr Ser Asp  
 180 185 190

Arg Pro Thr Leu Pro Thr Leu Thr Ala Gln Gly Arg Pro Thr Val Ser  
 195 200 205

Asn Ile Arg Gly Ile Leu Lys Gly Ser Pro Arg Gln Gln Pro Val Cys  
 210 215 220

His Arg Val Arg Phe Ala Glu Pro Thr Glu Gly Val Leu Met  
 225 230 235

&lt;210&gt; 10

&lt;211&gt; 259

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 10

Met Gln Thr Val Cys Ala Ser Leu Cys Gly Tyr Ala Arg Ile Pro Thr  
 1 5 10 15

Glu Glu Pro Ser Tyr Glu Glu Val Arg Val Asn Thr His Pro Gln Gly  
 20 25 30

Ala Ala Leu Leu Arg Leu Gln Glu Ala Leu Thr Ala Val Asn Gly Leu  
 35 40 45

Leu Pro Ala Pro Leu Thr Leu Glu Asp Val Val Ala Ser Ala Asp Asn  
 50 55 60

Thr Arg Arg Leu Val Arg Ala Gln Ala Leu Ala Arg Thr Tyr Ala Ala  
 65 70 75 80

Cys Ser Arg Asn Ile Glu Cys Leu Lys Gln His His Phe Thr Glu Asp  
 85 90 95

Asn Pro Gly Leu Asn Ala Val Val Arg Ser His Met Glu Asn Ser Lys  
 100 105 110

Arg Leu Ala Asp Met Cys Leu Ala Ala Ile Thr His Leu Tyr Leu Ser  
 115 120 125

Val Gly Ala Val Asp Val Thr Thr Asp Asp Ile Val Asp Gln Thr Leu  
 130 135 140

Arg Met Thr Ala Glu Ser Glu Val Val Met Ser Asp Val Val Leu Leu  
 145 150 155 160

Glu Lys Thr Leu Gly Val Val Ala Lys Pro Gln Ala Ser Phe Asp Val  
 165 170 175

Ser His Asn His Glu Leu Ser Ile Ala Lys Gly Glu Asn Val Gly Leu  
 180 185 190

Lys Thr Ser Pro Ile Lys Ser Glu Ala Thr Gln Leu Ser Glu Ile Lys  
 195 200 205

Pro Pro Leu Ile Glu Val Ser Asp Asn Asn Thr Ser Asn Leu Thr Lys  
 210 215 220

Lys Thr Tyr Pro Thr Glu Thr Leu Gln Pro Val Leu Thr Pro Lys Gln  
 225                            230                            235                            240

Thr Gln Asp Val Gln Arg Thr Thr Pro Ala Ile Lys Lys Ser His Val  
 245                            250                            255

Met Leu Val

<210> 11  
 <211> 87  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 11

Met Gly Ser Ile Thr Ala Ser Phe Ile Leu Ile Thr Met Gln Ile Leu  
 1                            5                                    10                            15

Phe Phe Cys Glu Asp Ser Ser Gly Glu Pro Asn Phe Ala Glu Arg Asn  
 20                            25                                    30

Phe Trp His Ala Ser Cys Ser Ala Arg Gly Val Tyr Ile Asp Gly Ser  
 35                            40                                    45

Met Ile Thr Thr Leu Phe Phe Tyr Ala Ser Leu Leu Gly Val Cys Val  
 50                            55                                    60

Ala Leu Ile Ser Leu Ala Tyr His Ala Cys Phe Arg Leu Phe Thr Arg  
 65                            70                                    75                            80

Ser Val Leu Arg Ser Thr Trp  
 85

<210> 12  
 <211> 302  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

&lt;400&gt; 12

Met	Ala	Ser	Ser	Asp	Gly	Asp	Arg	Leu	Cys	Arg	Ser	Asn	Ala	Val	Arg
1															
				5				10						15	

Arg	Lys	Thr	Thr	Pro	Ser	Tyr	Ser	Gly	Gln	Tyr	Arg	Thr	Ala	Arg	Arg
				20				25						30	

Ser	Val	Val	Val	Gly	Pro	Pro	Asp	Asp	Ser	Asp	Asp	Ser	Leu	Gly	Tyr
				35			40					45			

Ile	Thr	Thr	Val	Gly	Ala	Asp	Ser	Pro	Ser	Pro	Val	Tyr	Ala	Asp	Leu
				50		55					60				

Tyr	Phe	Glu	His	Lys	Asn	Thr	Thr	Pro	Arg	Val	His	Gln	Pro	Asn	Asp
				65		70			75				80		

Ser	Ser	Gly	Ser	Glu	Asp	Asp	Phe	Glu	Asp	Ile	Asp	Glu	Val	Val	Ala
				85			90					95			

Ala	Phe	Arg	Glu	Ala	Arg	Leu	Arg	His	Glu	Leu	Val	Glu	Asp	Ala	Val
				100			105				110				

Tyr	Glu	Asn	Pro	Leu	Ser	Val	Glu	Lys	Pro	Ser	Arg	Ser	Phe	Thr	Lys
				115		120			125						

Asn	Ala	Ala	Val	Lys	Pro	Lys	Leu	Glu	Asp	Ser	Pro	Lys	Arg	Ala	Pro
				130		135			140						

Pro	Gly	Ala	Gly	Ala	Ile	Ala	Ser	Gly	Arg	Pro	Ile	Ser	Phe	Ser	Thr
				145		150			155			160			

Ala	Pro	Lys	Thr	Ala	Thr	Ser	Ser	Trp	Cys	Gly	Pro	Thr	Pro	Ser	Tyr
				165			170			175					

Asn	Lys	Arg	Val	Phe	Cys	Glu	Ala	Val	Arg	Arg	Val	Ala	Ala	Met	Gln
				180			185				190				

Ala Gln Lys Ala Ala Glu Ala Ala Trp Asn Ser Asn Pro Pro Arg Asn  
 195 200 205

Asn Ala Glu Leu Asp Arg Leu Leu Thr Gly Ala Val Ile Arg Ile Thr  
 210 215 220

Val His Glu Gly Leu Asn Leu Ile Gln Ala Ala Asn Glu Ala Asp Leu  
 225 230 235 240

Gly Glu Gly Ala Ser Val Ser Lys Arg Gly His Asn Arg Lys Thr Gly  
 245 250 255

Asp Leu Gln Gly Gly Met Gly Asn Glu Pro Met Tyr Ala Gln Val Arg  
 260 265 270

Lys Pro Lys Ser Arg Thr Asp Thr Gln Thr Thr Gly Arg Ile Thr Asn  
 275 280 285

Arg Ser Arg Ala Arg Ser Ala Ser Arg Thr Asp Thr Arg Lys  
 290 295 300

<210> 13  
 <211> 410  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 13

Met Glu Cys Asn Leu Gly Thr Glu His Pro Ser Thr Asp Thr Trp Asn  
 1 5 10 15

Arg Ser Lys Thr Glu Gln Ala Val Val Asp Ala Phe Asp Glu Ser Leu  
 20 25 30

Phe Gly Asp Val Ala Ser Asp Ile Gly Phe Glu Thr Ser Leu Tyr Ser  
 35 40 45

His Ala Val Lys Thr Ala Pro Ser Pro Pro Trp Val Ala Ser Pro Lys  
 50 55 60

Ile Leu Tyr Gln Gln Leu Ile Arg Asp Leu Asp Phe Ser Glu Gly Pro  
 65 70 75 80

Arg Leu Leu Ser Cys Leu Glu Thr Trp Asn Glu Asp Leu Phe Ser Cys  
 85 90 95

Phe Pro Ile Asn Glu Asp Leu Tyr Ser Asp Met Met Val Leu Ser Pro  
 100 105 110

Asp Pro Asp Asp Val Ile Ser Thr Val Ser Thr Lys Asp His Val Glu  
 115 120 125

Met Phe Asn Leu Thr Thr Arg Gly Ser Val Arg Leu Pro Ser Pro Pro  
 130 135 140

Lys Gln Pro Thr Gly Leu Pro Ala Tyr Val Gln Glu Val Gln Asp Ser  
 145 150 155 160

Phe Thr Val Glu Leu Arg Ala Arg Glu Glu Ala Tyr Thr Lys Leu Leu  
 165 170 175

Val Thr Tyr Cys Lys Ser Ile Ile Arg Tyr Leu Gln Gly Thr Ala Lys  
 180 185 190

Arg Thr Thr Ile Gly Leu Asn Ile Gln Asn Pro Asp Gln Lys Ala Tyr  
 195 200 205

Thr Gln Leu Arg Gln Ser Ile Leu Leu Arg Tyr Tyr Arg Glu Val Ala  
 210 215 220

Ser Leu Ala Arg Leu Leu Tyr Leu His Leu Tyr Leu Thr Val Thr Arg  
 225 230 235 240

Glu Phe Ser Trp Arg Leu Tyr Ala Ser Gln Ser Ala His Pro Asp Val  
 245 250 255

Phe Ala Ala Leu Lys Phe Thr Trp Thr Glu Arg Arg Gln Phe Thr Cys

260

265

270

Ala Phe His Pro Val Leu Cys Asn His Gly Ile Val Leu Leu Glu Gly  
 275                    280                    285

Lys Pro Leu Thr Ala Ser Ala Leu Arg Glu Ile Asn Tyr Arg Arg Arg  
 290                    295                    300

Glu Leu Gly Leu Pro Leu Val Arg Cys Gly Leu Val Glu Glu Asn Lys  
 305                    310                    315                    320

Ser Pro Leu Val Gln Gln Pro Ser Phe Ser Val His Leu Pro Arg Ser  
 325                    330                    335

Val Gly Phe Leu Thr His His Ile Lys Arg Lys Leu Asp Ala Tyr Ala  
 340                    345                    350

Val Lys His Pro Gln Glu Pro Arg His Val Arg Ala Asp His Pro Tyr  
 355                    360                    365

Ala Lys Val Val Glu Asn Arg Asn Tyr Gly Ser Ser Ile Glu Ala Met  
 370                    375                    380

Ile Leu Ala Pro Pro Ser Pro Ser Glu Ile Leu Pro Gly Asp Pro Pro  
 385                    390                    395                    400

Arg Pro Pro Thr Cys Gly Phe Leu Thr Arg  
 405                    410

<210> 14

<211> 819

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 14

Met Gln Ser Gly His Tyr Asn Arg Arg Gln Ser Arg Arg Gln Arg Ile  
 1                    5                    10                    15

Ser Ser Asn Thr Thr Asp Ser Pro Arg His Thr His Gly Thr Arg Tyr  
 20 25 30

Arg Ser Thr Asn Trp Tyr Thr His Pro Pro Gln Ile Leu Ser Asn Ser  
 35 40 45

Glu Thr Leu Val Ala Val Gln Glu Leu Leu Asn Ser Glu Met Asp Gln  
 50 55 60

Asp Ser Ser Ser Asp Ala Ser Asp Asp Phe Pro Gly Tyr Ala Leu His  
 65 70 75 80

His Ser Thr Tyr Asn Gly Ser Glu Gln Asn Thr Ser Thr Ser Arg His  
 85 90 95

Glu Asn Arg Ile Phe Lys Leu Thr Glu Arg Glu Ala Asn Glu Glu Ile  
 100 105 110

Asn Ile Asn Thr Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly  
 115 120 125

Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly  
 130 135 140

Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly  
 145 150 155 160

Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly  
 165 170 175

Glu Ala Glu Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly Glu Ala Glu Glu Asp Ala  
 180 185 190

Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ala Glu Glu Asp Ala  
 195 200 205

Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Asp Tyr Phe Ser Val Ser Gln  
 210 215 220

Val Cys Ser Arg Asp Ala Asp Glu Val Tyr Phe Thr Leu Asp Pro Glu  
 225                    230                    235                    240

Ile Ser Tyr Ser Thr Asp Leu Arg Ile Ala Lys Val Met Glu Pro Ala  
 245                    250                    255

Val Ser Lys Glu Leu Asn Val Ser Lys Arg Cys Val Glu Pro Val Thr  
 260                    265                    270

Leu Thr Gly Ser Met Leu Ala His Asn Gly Phe Asp Glu Ser Trp Phe  
 275                    280                    285

Ala Met Arg Glu Cys Thr Arg Arg Glu Tyr Ile Thr Val Gln Gly Leu  
 290                    295                    300

Tyr Asp Pro Ile His Leu Arg Tyr Gln Phe Asp Thr Ser Arg Met Thr  
 305                    310                    315                    320

Pro Pro Gln Ile Leu Arg Thr Ile Pro Ala Leu Pro Asn Met Thr Leu  
 325                    330                    335

Gly Glu Leu Leu Leu Ile Phe Pro Ile Glu Phe Met Ala Gln Pro Ile  
 340                    345                    350

Ser Ile Glu Arg Ile Leu Val Glu Asp Val Phe Leu Asp Arg Arg Ala  
 355                    360                    365

Ser Ser Lys Thr His Lys Tyr Gly Pro Arg Trp Asn Ser Val Tyr Ala  
 370                    375                    380

Leu Pro Tyr Asn Ala Gly Lys Met Tyr Val Gln His Ile Pro Gly Phe  
 385                    390                    395                    400

Tyr Asp Val Ser Leu Arg Ala Val Gly Gln Gly Thr Ala Ile Trp His  
 405                    410                    415

His Met Ile Leu Ser Thr Ala Ala Cys Ala Ile Ser Asn Arg Ile Ser  
 420 425 430

His Gly Asp Gly Leu Gly Phe Leu Leu Asp Ala Ala Ile Arg Ile Ser  
 435 440 445

Ala Asn Cys Ile Phe Leu Gly Arg Asn Asp Asn Phe Gly Val Gly Asp  
 450 455 460

Pro Cys Trp Leu Glu Asp His Leu Ala Gly Leu Pro Arg Glu Ala Val  
 465 470 475 480

Pro Asp Val Leu Gln Val Thr Gln Leu Val Leu Pro Asn Arg Gly Pro  
 485 490 495

Thr Val Ala Ile Met Arg Gly Phe Phe Gly Ala Leu Ala Tyr Trp Pro  
 500 505 510

Glu Leu Arg Ile Ala Ile Ser Glu Pro Ser Thr Ser Leu Val Arg Tyr  
 515 520 525

Ala Thr Gly His Met Glu Leu Ala Glu Trp Phe Leu Phe Ser Arg Thr  
 530 535 540

His Ser Leu Lys Pro Gln Phe Thr Pro Thr Glu Arg Glu Met Leu Ala  
 545 550 555 560

Ser Phe Phe Thr Leu Tyr Val Thr Leu Gly Gly Gly Met Leu Asn Trp  
 565 570 575

Ile Cys Arg Ala Thr Ala Met Tyr Leu Ala Ala Pro Tyr His Ser Arg  
 580 585 590

Ser Ala Tyr Ile Ala Val Cys Glu Ser Leu Pro Tyr Tyr Tyr Ile Pro  
 595 600 605

Val Asn Ser Asp Leu Leu Cys Asp Leu Glu Val Leu Leu Leu Gly Glu  
 610 615 620

Val Asp Leu Pro Thr Val Cys Glu Ser Tyr Ala Thr Ile Ala His Glu  
 625 630 635 640

Leu Thr Gly Tyr Glu Ala Val Arg Thr Ala Ala Thr Asn Phe Met Ile  
 645 650 655

Glu Phe Ala Asp Cys Tyr Lys Glu Ser Glu Thr Asp Leu Met Val Ser  
 660 665 670

Ala Tyr Leu Gly Ala Val Leu Leu Gln Arg Val Leu Gly His Ala  
 675 680 685

Asn Leu Leu Leu Leu Leu Ser Gly Ala Ala Leu Tyr Gly Gly Cys  
 690 695 700

Ser Ile Tyr Ile Pro Arg Gly Ile Leu Asp Ala Tyr Asn Thr Leu Met  
 705 710 715 720

Leu Ala Ala Ser Pro Leu Tyr Ala His Gln Thr Leu Thr Ser Phe Trp  
 725 730 735

Lys Asp Arg Asp Asp Ala Met Gln Thr Leu Gly Ile Arg Pro Thr Thr  
 740 745 750

Asp Val Leu Pro Lys Glu Gln Asp Arg Ile Val Gln Ala Ser Pro Ile  
 755 760 765

Glu Met Asn Phe Arg Phe Val Gly Leu Glu Thr Ile Tyr Pro Arg Glu  
 770 775 780

Gln Pro Ile Pro Ser Val Asp Leu Ala Glu Asn Leu Met Gln Tyr Arg  
 785 790 795 800

Asn Glu Ile Leu Gly Leu Asp Trp Lys Ser Val Ala Met His Leu Leu  
 805 810 815

Arg Lys Tyr

<210> 15  
<211> 661  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 15

Met Phe Ser Arg Phe Ala Arg Ser Phe Ser Ser Asp Asp Arg Thr Arg  
1 5 10 15

Lys Ser Tyr Asp Gly Ser Tyr Gln Ser Phe Asn Ala Gly Glu Arg Asp  
20 25 30

Leu Pro Thr Pro Thr Arg Asp Trp Cys Ser Ile Ser Gln Arg Ile Thr  
35 40 45

Ser Glu Arg Val Arg Asp Gly Cys Leu Ile Pro Thr Pro Gly Glu Ala  
50 55 60

Leu Glu Thr Ala Val Lys Ala Leu Ser Glu Lys Thr Asp Ser Leu Thr  
65 70 75 80

Ser Pro Val Leu Gln Ser Thr Glu Arg His Ser Val Leu Leu Gly Leu  
85 90 95

His His Asn Asn Val Pro Glu Ser Leu Val Val Ser Cys Met Ser Asn  
100 105 110

Asp Val His Asp Gly Phe Met Gln Arg Tyr Met Glu Thr Ile Gln Arg  
115 120 125

Cys Leu Asp Asp Leu Lys Leu Ser Gly Asp Gly Leu Trp Trp Val Tyr  
130 135 140

Glu Asn Thr Tyr Trp Gln Tyr Leu Lys Tyr Thr Thr Gly Ala Glu Val  
145 150 155 160

Pro Val Thr Ser Glu Lys Val Asn Lys Lys Ser Lys Ser Thr Val Leu  
 165 170 175

Leu Phe Ser Ser Val Val Ala Asn Lys Pro Ile Ser Arg His Pro Phe  
 180 185 190

Lys Ser Lys Val Ile Asn Ser Asp Tyr Arg Gly Ile Cys Gln Glu Leu  
 195 200 205

Arg Glu Ala Leu Gly Ala Val Gln Lys Tyr Met Tyr Phe Met Arg Pro  
 210 215 220

Asp Asp Pro Thr Asn Pro Ser Pro Asp Thr Arg Ile Arg Val Gln Glu  
 225 230 235 240

Ile Ala Ala Tyr Thr Ala Thr Gly Tyr Gly Trp Met Leu Trp Phe Leu  
 245 250 255

Asp Val Val Asp Ala Arg Val Cys Arg His Leu Lys Leu Gln Phe Arg  
 260 265 270

Arg Ile Arg Gly Pro Arg Ala Ser Val Ile Pro Asp Asp Leu Leu Arg  
 275 280 285

Arg His Leu Lys Thr Gly Pro Ala Val Ser Ala Gly Thr Gly Val Ala  
 290 295 300

Phe Ile Leu Ala Ala Thr Thr Ala Ser Ala Leu Thr Ala Leu Leu Arg  
 305 310 315 320

Ile Ser Val Leu Trp Arg Lys Glu Glu Trp Arg Asp Gly Leu Asn Gly  
 325 330 335

Thr Ala Ala Ala Ile Val Ala Ala Val Glu Leu Ile Thr Leu Leu His  
 340 345 350

His His Phe Gln Tyr Leu Ile Asn Met Met Leu Ile Gly Tyr Ala Cys

出証特2005-3035385

355

360

365

Trp Gly Asp Gly Gly Leu Asn Asp Pro Tyr Ile Leu Lys Ala Leu Arg  
 370 375 380

Ala Gln Gly Arg Phe Leu Tyr Phe Ala Gly Gln Leu Val Arg Thr Met  
 385 390 395 400

Ser Thr His Ser Trp Val Val Leu Glu Thr Ser Thr His Met Trp Phe  
 405 410 415

Ser Arg Ala Val Ala Gln Ser Ile Leu Ala His Gly Gly Lys Pro Thr  
 420 425 430

Lys Tyr Tyr Ala Gln Val Leu Ala Ala Ser Lys Arg Tyr Thr Pro Leu  
 435 440 445

His Leu Arg Arg Ile Ser Glu Pro Ser Ser Val Ser Asp Gln Pro Tyr  
 450 455 460

Ile Arg Phe Asn Arg Leu Gly Ser Pro Ile Gly Thr Gly Ile Gly Asn  
 465 470 475 480

Leu Glu Cys Val Cys Leu Thr Gly Asn Tyr Leu Ser Asp Asp Val Asn  
 485 490 495

Ala Ser Ser His Val Ile Asn Thr Glu Ala Pro Leu Asn Ser Ile Ala  
 500 505 510

Pro Asp Thr Asn Arg Gln Arg Thr Ser Arg Val Leu Val Arg Pro Asp  
 515 520 525

Thr Gly Leu Asp Val Thr Val Arg Lys Asn His Cys Leu Asp Ile Gly  
 530 535 540

His Thr Asp Gly Ser Pro Val Asp Pro Thr Tyr Pro Asp His Tyr Thr  
 545 550 555 560

Arg Ile Lys Ala Glu Tyr Glu Gly Pro Val Arg Asp Glu Ser Asn Thr  
 565 570 575

Met Phe Asp Gln Arg Ser Asp Leu Arg His Ile Glu Thr Gln Ala Ser  
 580 585 590

Leu Asn Asp His Val Tyr Glu Asn Ile Pro Pro Lys Glu Val Gly Phe  
 595 600 605

Asn Ser Ser Ser Asp Leu Asp Val Asp Ser Leu Asn Gly Tyr Thr Ser  
 610 615 620

Gly Asp Met His Thr Asp Asp Asp Leu Ser Pro Asp Phe Ile Pro Asn  
 625 630 635 640

Asp Val Pro Val Arg Cys Lys Thr Thr Val Thr Phe Arg Lys Asn Thr  
 645 650 655

Pro Lys Ser His His  
 660

<210> 16  
 <211> 301  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 16

Met Gly Asp Leu Ser Cys Trp Thr Lys Val Pro Gly Phe Thr Leu Thr  
 1 5 10 15

Gly Glu Leu Gln Tyr Leu Lys Gln Val Asp Asp Ile Leu Arg Tyr Gly  
 20 25 30

Val Arg Lys Arg Asp Arg Thr Gly Ile Gly Thr Leu Ser Leu Phe Gly  
 35 40 45

Met Gln Ala Arg Tyr Asn Leu Arg Asn Glu Phe Pro Leu Leu Thr Thr  
 50 55 60

Lys Arg Val Phe Trp Arg Ala Val Val Glu Glu Leu Leu Trp Phe Ile  
 65                    70                    75                    80

Arg Gly Ser Thr Asp Ser Lys Glu Leu Ala Ala Lys Asp Ile His Ile  
 85                    90                    95

Trp Asp Ile Tyr Gly Ser Ser Lys Phe Leu Asn Arg Asn Gly Phe His  
 100                  105                  110

Lys Arg His Thr Gly Asp Leu Gly Pro Ile Tyr Gly Phe Gln Trp Arg  
 115                  120                  125

His Phe Gly Ala Glu Tyr Lys Asp Cys Gln Ser Asn Tyr Leu Gln Gln  
 130                  135                  140

Gly Ile Asp Gln Leu Gln Thr Val Ile Asp Thr Ile Lys Thr Asn Pro  
 145                  150                  155                  160

Glu Ser Arg Arg Met Ile Ile Ser Ser Trp Asn Pro Lys Asp Ile Pro  
 165                  170                  175

Leu Met Val Leu Pro Pro Cys His Thr Leu Cys Gln Phe Tyr Val Ala  
 180                  185                  190

Asn Gly Glu Leu Ser Cys Gln Val Tyr Gln Arg Ser Gly Asp Met Gly  
 195                  200                  205

Leu Gly Val Pro Phe Asn Ile Ala Gly Tyr Ala Leu Leu Thr Tyr Ile  
 210                  215                  220

Val Ala His Val Thr Gly Leu Lys Thr Gly Asp Leu Ile His Thr Met  
 225                  230                  235                  240

Gly Asp Ala His Ile Tyr Leu Asn His Ile Asp Ala Leu Lys Val Gln  
 245                  250                  255

Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro Phe Pro Cys Leu Lys Ile Ile Arg Asn  
 260 265 270

Val Thr Asp Ile Asn Asp Phe Lys Trp Asp Asp Phe Gln Leu Asp Gly  
 275 280 285

Tyr Asn Pro His Pro Pro Leu Lys Met Glu Met Ala Leu  
 290 295 300

<210> 17  
 <211> 455  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 17

Met Gly Leu Phe Gly Leu Thr Arg Phe Ile His Glu His Lys Leu Val  
 1 5 10 15

Lys Pro Ser Ile Ile Ser Thr Pro Pro Gly Val Leu Thr Pro Val Ala  
 20 25 30

Val Asp Val Trp Asn Val Met Tyr Thr Leu Leu Glu Arg Leu Tyr Pro  
 35 40 45

Val Gly Lys Arg Glu Asn Leu His Gly Pro Ser Val Thr Ile His Cys  
 50 55 60

Leu Gly Val Leu Leu Arg Leu Leu Thr Gln Arg Ser Tyr Tyr Pro Ile  
 65 70 75 80

Phe Val Leu Glu Arg Cys Thr Asp Gly Pro Leu Ser Arg Gly Ala Lys  
 85 90 95

Ala Ile Met Ser Arg Ala Met Asn His Asp Glu Arg Gly Thr Ser Asp  
 100 105 110

Leu Thr Arg Val Leu Leu Ser Ser Asn Thr Ser Cys Ser Ile Lys Tyr  
 115 120 125

Asn Lys Thr Ser Glu Thr Tyr Asp Ser Val Phe Arg Asn Ser Ser Thr  
 130 135 140

Ser Cys Ile Pro Ser Glu Glu Asn Lys Ser Gln Asp Met Phe Leu Asp  
 145 150 155 160

Gly Cys Pro Arg Gln Thr Asp Lys Thr Ile Cys Leu Arg Asp Gln Asn  
 165 170 175

Val Cys Ser Leu Thr Ser Thr Met Pro Ser Arg Gly His Pro Asn His  
 180 185 190

Arg Leu Tyr His Lys Leu Cys Ala Ser Leu Ile Arg Trp Met Gly Tyr  
 195 200 205

Ala Tyr Val Glu Ala Val Asp Ile Glu Ala Asp Glu Ala Cys Ala Asn  
 210 215 220

Leu Phe His Thr Arg Thr Val Ala Leu Val Tyr Thr Thr Asp Thr Asp  
 225 230 235 240

Leu Leu Phe Met Gly Cys Asp Ile Leu Leu Asp Ala Ile Pro Met Phe  
 245 250 255

Ala Pro Val Val Arg Cys Arg Asp Leu Leu Gln Tyr Leu Gly Ile Thr  
 260 265 270

Tyr Pro Glu Phe Leu Val Ala Phe Val Arg Cys Gln Thr Asp Leu His  
 275 280 285

Thr Ser Asp Asn Leu Lys Ser Val Gln Gln Val Ile Gln Asp Thr Gly  
 290 295 300

Leu Lys Val Pro His Gln Met Asp Thr Ser Thr Arg Ser Pro Thr Tyr  
 305 310 315 320

Asp Ser Trp Arg His Gly Glu Val Phe Lys Ser Leu Thr Val Ala Thr

325

330

335

Ser Gly Lys Thr Glu Asn Gly Val Ser Val Ser Lys Tyr Ala Ser Asn  
 340 345 350

Arg Ser Glu Val Thr Val Asp Ala Ser Trp Ala Leu Asn Leu Leu Pro  
 355 360 365

Pro Ser Ser Ser Pro Leu Asp Asn Leu Glu Arg Ala Phe Val Glu His  
 370 375 380

Ile Ile Ala Val Val Thr Pro Leu Thr Arg Gly Arg Leu Lys Leu Met  
 385 390 395 400

Lys Arg Val Asn Ile Met Gln Asn Thr Ala Asp Pro Tyr Met Val Ile  
 405 410 415

Asn Thr Leu Tyr His Asn Leu Lys Gly Glu Lys Met Ala Arg Gln Tyr  
 420 425 430

Ala Arg Ile Phe Lys Gln Phe Ile Pro Thr Pro Leu Pro Leu Asn Thr  
 435 440 445

Val Leu Thr Lys Tyr Trp Asn  
 450 455

&lt;210&gt; 18

&lt;211&gt; 1038

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 18

Met Glu Glu Pro Ile Cys Tyr Asp Thr Gln Lys Leu Leu Asp Asp Leu  
 1 5 10 15

Ser Asn Leu Lys Val Gln Glu Ala Asp Asn Glu Arg Pro Trp Ser Pro  
 20 25 30

Glu Lys Thr Glu Ile Ala Arg Val Lys Val Val Lys Phe Leu Arg Ser  
 35 40 45

Thr Gln Lys Ile Pro Ala Lys His Phe Ile Gln Ile Trp Glu Pro Leu  
 50 55 60

His Ser Asn Ile Cys Phe Val Tyr Ser Asn Thr Phe Leu Ala Glu Ala  
 65 70 75 80

Ala Phe Thr Ala Glu Asn Leu Pro Gly Leu Leu Phe Trp Arg Leu Asp  
 85 90 95

Leu Asp Trp Thr Ile Glu Glu Pro Gly Asn Ser Leu Lys Ile Leu Thr  
 100 105 110

Gln Leu Ser Ser Val Val Gln Asp Ser Glu Thr Leu His Arg Leu Ser  
 115 120 125

Ala Asn Lys Leu Arg Thr Ser Ser Lys Phe Gly Pro Val Ser Ile His  
 130 135 140

Phe Ile Ile Thr Asp Trp Ile Asn Met Tyr Glu Val Ala Leu Lys Asp  
 145 150 155 160

Ala Thr Thr Ala Ile Glu Ser Pro Phe Thr His Ala Arg Ile Gly Met  
 165 170 175

Leu Glu Ser Ala Ile Ala Ala Leu Thr Gln His Lys Phe Ala Ile Ile  
 180 185 190

Tyr Asp Met Pro Phe Val Gln Glu Gly Ile Arg Val Leu Thr Gln Tyr  
 195 200 205

Ala Gly Trp Leu Leu Pro Phe Asn Val Met Trp Asn Gln Ile Gln Asn  
 210 215 220

Ser Ser Leu Thr Pro Leu Thr Arg Ala Leu Phe Ile Ile Cys Met Ile  
 225 230 235 240

Asp Glu Tyr Leu Thr Glu Thr Pro Val His Ser Ile Ser Glu Leu Phe  
 245 250 255

Ala Asp Thr Val Asn Leu Ile Lys Asp Glu Ala Phe Val Ser Ile Glu  
 260 265 270

Glu Ala Val Thr Asn Pro Arg Thr Val His Glu Ser Arg Ile Ser Ser  
 275 280 285

Ala Leu Ala Tyr Arg Asp Pro Tyr Val Phe Glu Thr Ser Pro Gly Met  
 290 295 300

Leu Ala Arg Arg Leu Arg Leu Asp Asn Gly Ile Trp Glu Ser Asn Leu  
 305 310 315 320

Leu Ser Leu Ser Thr Pro Gly Ile His Ile Glu Ala Leu Leu His Leu  
 325 330 335

Leu Asn Ser Asp Pro Glu Ala Glu Thr Thr Ser Gly Ser Asn Val Ala  
 340 345 350

Glu His Thr Arg Gly Ile Trp Glu Lys Val Gln Ala Ser Thr Ser Pro  
 355 360 365

Ser Met Leu Ile Ser Thr Leu Ala Glu Ser Gly Phe Thr Arg Phe Ser  
 370 375 380

Cys Lys Leu Leu Arg Arg Phe Ile Ala His His Thr Leu Ala Gly Phe  
 385 390 395 400

Ile His Gly Ser Val Val Ala Asp Glu His Ile Thr Asp Phe Gln Gln  
 405 410 415

Thr Leu Gly Cys Leu Ala Leu Val Gly Gly Leu Ala Tyr Gln Leu Val  
 420 425 430

Glu Thr Tyr Ala Pro Thr Thr Glu Tyr Val Leu Thr Tyr Thr Arg Thr  
 435 440 445

Val Asn Glu Thr Glu Lys Arg Tyr Glu Thr Leu Leu Pro Ala Leu Gly  
 450 455 460

Leu Pro Pro Gly Gly Leu Gly Gln Ile Met Arg Arg Cys Phe Ala Pro  
 465 470 475 480

Arg Pro Leu Ile Glu Ser Ile Gln Ala Thr Arg Val Ile Leu Leu Asn  
 485 490 495

Glu Ile Ser His Ala Glu Ala Arg Glu Thr Thr Tyr Phe Lys Gln Thr  
 500 505 510

His Asn Gln Ser Ser Gly Ala Leu Leu Pro Gln Ala Gly Gln Ser Ala  
 515 520 525

Val Arg Glu Ala Val Leu Thr Trp Phe Asp Leu Arg Met Asp Ser Arg  
 530 535 540

Trp Gly Ile Thr Pro Pro Val Asp Val Gly Met Thr Pro Pro Ile Cys  
 545 550 555 560

Val Asp Pro Pro Ala Thr Gly Leu Glu Ala Val Met Ile Thr Glu Ala  
 565 570 575

Leu Lys Ile Ala Tyr Pro Thr Glu Tyr Asn Arg Ser Ser Val Phe Val  
 580 585 590

Glu Pro Ser Phe Val Pro Tyr Ile Ile Ala Thr Ser Thr Leu Asp Ala  
 595 600 605

Leu Ser Ala Thr Ile Ala Leu Ser Phe Asp Thr Arg Gly Ile Gln Gln  
 610 615 620

Ala Leu Ser Ile Leu Gln Trp Ala Arg Asp Tyr Gly Ser Gly Thr Val  
 625 630 635 640

Pro Asn Ala Asp Gly Tyr Arg Thr Lys Leu Ser Ala Leu Ile Thr Ile  
 645 650 655

Leu Glu Pro Phe Thr Arg Thr His Pro Pro Val Leu Leu Pro Ser His  
 660 665 670

Val Ser Thr Ile Asp Ser Leu Ile Cys Glu Leu His Arg Thr Val Gly  
 675 680 685

Ile Ala Val Asp Leu Leu Pro Gln His Val Arg Pro Leu Val Pro Asp  
 690 695 700

Arg Pro Ser Ile Thr Asn Ser Val Phe Leu Ala Thr Leu Tyr Tyr Asp  
 705 710 715 720

Glu Leu Tyr Gly Arg Trp Thr Arg Leu Asp Lys Thr Ser Gln Ala Leu  
 725 730 735

Val Glu Asn Phe Thr Ser Asn Ala Leu Val Val Ser Arg Tyr Met Leu  
 740 745 750

Met Leu Gln Lys Phe Phe Ala Cys Arg Phe Tyr Pro Thr Pro Asp Leu  
 755 760 765

Gln Ala Val Gly Ile Cys Asn Pro Lys Val Glu Arg Asp Glu Gln Phe  
 770 775 780

Gly Val Trp Arg Leu Asn Asp Leu Ala Asp Ala Val Gly His Ile Val  
 785 790 795 800

Gly Thr Ile Gln Gly Ile Arg Thr Gln Met Arg Val Gly Ile Ser Ser  
 805 810 815

Leu Arg Thr Ile Met Ala Asp Ala Ser Ser Ala Leu Arg Glu Cys Glu  
 820 825 830

Asn Leu Met Thr Lys Thr Ser Thr Ser Ala Ile Gly Pro Leu Phe Ser  
 835 840 845

Thr Met Ala Ser Arg Tyr Ala Arg Phe Thr Gln Asp Gln Met Asp Ile  
 850 855 860

Leu Met Arg Val Asp Lys Leu Thr Thr Gly Glu Asn Ile Pro Gly Leu  
 865 870 875 880

Ala Asn Val Glu Ile Phe Leu Asn Arg Trp Glu Arg Ile Ala Thr Ala  
 885 890 895

Cys Arg His Ala Thr Ala Val Pro Ser Ala Glu Ser Ile Ala Thr Val  
 900 905 910

Cys Asn Glu Leu Arg Arg Gly Leu Lys Asn Ile Gln Glu Asp Arg Val  
 915 920 925

Asn Ala Pro Thr Ser Tyr Met Ser His Ala Arg Asn Leu Glu Asp His  
 930 935 940

Lys Ala Ala Val Ser Phe Val Met Asp Ser Arg Gln Gln Phe Ile Val  
 945 950 955 960

Asp Ser Gly Pro Gln Met Gly Ala Val Leu Thr Ser Gln Cys Asn Ile  
 965 970 975

Gly Thr Trp Glu Asn Val Asn Ala Thr Phe Leu His Asp Asn Val Lys  
 980 985 990

Ile Thr Thr Thr Val Arg Asp Val Ile Ser Glu Ala Pro Thr Leu Ile  
 995 1000 1005

Ile Gly Gln Arg Trp Leu Arg Pro Asp Glu Ile Leu Ser Asn Val  
 1010 1015 1020

Asp Leu Arg Leu Gly Val Pro Gly Asn Thr Ser Gly Ser Asp Pro  
 1025 1030 1035

<210> 19  
<211> 2763  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 19

Met Asp Ile Ile Pro Pro Ile Ala Val Thr Val Ala Gly Val Gly Ser  
1 5 10 15

Arg Asn Gln Phe Asp Gly Ala Leu Gly Pro Ala Ser Gly Leu Ser Cys  
20 25 30

Leu Arg Thr Ser Leu Ser Phe Leu His Met Thr Tyr Ala His Gly Ile  
35 40 45

Asn Ala Thr Leu Ser Ser Asp Met Ile Asp Gly Cys Leu Gln Glu Gly  
50 55 60

Ala Ala Trp Thr Thr Asp Leu Ser Asn Met Gly Arg Gly Val Pro Asp  
65 70 75 80

Met Cys Ala Leu Val Asp Leu Pro Asn Arg Ile Ser Tyr Ile Lys Leu  
85 90 95

Gly Asp Thr Thr Ser Thr Cys Cys Val Leu Ser Arg Ile Tyr Gly Asp  
100 105 110

Ser His Phe Phe Thr Val Pro Asp Glu Gly Phe Met Cys Thr Gln Ile  
115 120 125

Pro Ala Arg Ala Phe Phe Asp Asp Val Trp Met Gly Arg Glu Glu Ser  
130 135 140

Tyr Thr Ile Ile Thr Val Asp Ser Thr Gly Met Ala Ile Tyr Arg Gln  
145 150 155 160

Gly Asn Ile Ser Phe Ile Phe Asp Pro His Gly His Gly Thr Ile Gly

165

170

175

Gln Ala Val Val Val Arg Val Asn Thr Thr Asp Val Tyr Ser Tyr Ile  
 180 185 190

Ala Ser Glu Tyr Thr His Arg Pro Asp Asn Val Glu Ser Gln Trp Ala  
 195 200 205

Ala Ala Leu Val Phe Phe Val Thr Ala Asn Asp Gly Pro Val Ser Glu  
 210 215 220

Glu Ala Leu Ser Ser Ala Val Thr Leu Ile Tyr Gly Ser Cys Asp Thr  
 225 230 235 240

Tyr Phe Thr Asp Glu Gln Tyr Cys Glu Lys Leu Val Thr Ala Gln His  
 245 250 255

Pro Leu Leu Leu Ser Pro Pro Asn Ser Thr Thr Ile Val Leu Asn Lys  
 260 265 270

Ser Ser Ile Val Pro Leu His Gln Asn Val Gly Glu Ser Val Ser Leu  
 275 280 285

Glu Ala Thr Leu His Ser Thr Leu Thr Asn Thr Val Ala Leu Asp Pro  
 290 295 300

Arg Cys Ser Tyr Ser Glu Val Asp Pro Trp His Ala Val Leu Glu Thr  
 305 310 315 320

Thr Ser Thr Gly Ser Gly Val Leu Asp Cys Arg Arg Arg Arg Pro  
 325 330 335

Ser Trp Thr Pro Pro Ser Ser Glu Glu Asn Leu Ala Cys Ile Asp Asp  
 340 345 350

Gly Leu Val Asn Asn Thr His Ser Thr Asp Asn Leu His Lys Pro Ala  
 355 360 365

Lys Lys Val Leu Lys Phe Lys Pro Thr Val Asp Val Pro Asp Lys Thr  
 370 375 380

Gln Val Ala His Val Leu Pro Arg Leu Arg Glu Val Ala Asn Thr Pro  
 385 390 395 400

Asp Val Val Leu Asn Val Ser Asn Val Asp Thr Pro Glu Ser Ser Pro  
 405 410 415

Thr Phe Ser Arg Asn Met Asn Val Gly Ser Ser Leu Lys Asp Arg Lys  
 420 425 430

Pro Phe Leu Phe Glu Gln Ser Gly Asp Val Asn Met Val Val Glu Lys  
 435 440 445

Leu Leu Gln His Gly His Glu Ile Ser Asn Gly Tyr Val Gln Asn Ala  
 450 455 460

Val Gly Thr Leu Asp Thr Val Ile Thr Gly His Thr Asn Val Pro Ile  
 465 470 475 480

Trp Val Thr Arg Pro Leu Val Met Pro Asp Glu Lys Asp Pro Leu Glu  
 485 490 495

Leu Phe Ile Asn Leu Thr Ile Leu Arg Leu Thr Gly Phe Val Val Glu  
 500 505 510

Asn Gly Thr Arg Thr His His Gly Ala Thr Ser Val Val Ser Asp Phe  
 515 520 525

Ile Gly Pro Leu Gly Glu Ile Leu Thr Gly Phe Pro Ser Ala Ala Glu  
 530 535 540

Leu Ile Arg Val Thr Ser Leu Ile Leu Thr Asn Met Pro Gly Ala Glu  
 545 550 555 560

Tyr Ala Ile Lys Thr Val Leu Arg Lys Lys Cys Thr Ile Gly Met Leu

565

570

575

Ile Ile Ala Lys Phe Gly Leu Val Ala Met Arg Val Gln Asp Thr Thr  
 580 585 590

Gly Ala Leu His Ala Glu Leu Asp Val Leu Glu Ala Asp Leu Gly Gly  
 595 600 605

Ser Ser Pro Ile Asp Leu Tyr Ser Arg Leu Ser Thr Gly Leu Ile Ser  
 610 615 620

Ile Leu Asn Ser Pro Ile Ile Ser His Pro Gly Leu Phe Ala Glu Leu  
 625 630 635 640

Ile Pro Thr Arg Thr Gly Ser Leu Ser Glu Arg Ile Arg Leu Leu Cys  
 645 650 655

Glu Leu Val Ser Ala Arg Glu Thr Arg Tyr Met Arg Glu His Thr Ala  
 660 665 670

Leu Val Ser Ser Val Lys Ala Leu Glu Asn Ala Leu Arg Ser Thr Arg  
 675 680 685

Asn Lys Ile Asp Ala Ile Gln Ile Pro Glu Val Pro Gln Glu Pro Pro  
 690 695 700

Glu Glu Thr Asp Ile Pro Pro Glu Glu Leu Ile Arg Arg Val Tyr Glu  
 705 710 715 720

Ile Arg Ser Glu Val Thr Met Leu Leu Thr Ser Ala Val Thr Glu Tyr  
 725 730 735

Phe Thr Arg Gly Val Leu Tyr Ser Thr Arg Ala Leu Ile Ala Glu Gln  
 740 745 750

Ser Pro Arg Arg Phe Arg Val Ala Thr Ala Ser Thr Ala Pro Ile Gln  
 755 760 765

Arg Leu Leu Asp Ser Leu Pro Glu Phe Asp Ala Lys Leu Thr Ala Ile  
 770 775 780

Ile Ser Ser Leu Ser Ile His Pro Pro Pro Glu Thr Ile Gln Asn Leu  
 785 790 795 800

Pro Val Val Ser Leu Leu Lys Glu Leu Ile Lys Glu Gly Glu Asp Leu  
 805 810 815

Asn Thr Asp Thr Ala Leu Val Ser Trp Leu Ser Val Val Gly Glu Ala  
 820 825 830

Gln Thr Ala Gly Tyr Leu Ser Arg Arg Glu Phe Asp Glu Leu Ser Arg  
 835 840 845

Thr Ile Lys Thr Ile Asn Thr Arg Ala Thr Gln Arg Ala Ser Ala Glu  
 850 855 860

Ala Glu Leu Ser Cys Phe Asn Thr Leu Ser Ala Ala Val Asp Gln Ala  
 865 870 875 880

Val Lys Asp Tyr Glu Thr Tyr Asn Asn Gly Glu Val Lys Tyr Pro Glu  
 885 890 895

Ile Thr Arg Asp Asp Leu Leu Ala Thr Ile Val Arg Ala Thr Asp Asp  
 900 905 910

Leu Val Arg Gln Ile Lys Ile Leu Ser Asp Pro Met Ile Gln Ser Gly  
 915 920 925

Leu Gln Pro Ser Ile Lys Arg Arg Leu Glu Thr Arg Leu Lys Glu Val  
 930 935 940

Gln Thr Tyr Ala Asn Glu Ala Arg Thr Thr Gln Asp Thr Ile Lys Ser  
 945 950 955 960

Arg Lys Gln Ala Ala Tyr Asn Lys Leu Gly Gly Leu Leu Arg Pro Val

965

970

975

Thr Gly Phe Val Gly Leu Arg Ala Ala Val Asp Leu Leu Pro Glu Leu  
 980 985 990

Ala Ser Glu Leu Asp Val Gln Gly Ala Leu Val Asn Leu Arg Thr Lys  
 995 1000 1005

Val Leu Glu Ala Pro Val Glu Ile Arg Ser Gln Leu Thr Gly Asp  
 1010 1015 1020

Phe Trp Ala Leu Phe Asn Gln Tyr Arg Asp Ile Leu Glu His Pro  
 1025 1030 1035

Gly Asn Ala Arg Thr Ser Val Leu Gly Gly Leu Gly Ala Cys Phe  
 1040 1045 1050

Thr Ala Ile Ile Glu Ile Val Pro Ile Pro Thr Glu Tyr Arg Pro  
 1055 1060 1065

Ser Leu Leu Ala Phe Phe Gly Asp Val Ala Asp Val Leu Ala Ser  
 1070 1075 1080

Asp Ile Ala Thr Val Ser Thr Asn Pro Glu Ser Glu Ser Ala Ile  
 1085 1090 1095

Asn Ala Val Val Ala Thr Leu Ser Lys Ala Thr Leu Val Ser Ser  
 1100 1105 1110

Thr Val Pro Ala Leu Ser Phe Val Leu Ser Leu Tyr Lys Lys Tyr  
 1115 1120 1125

Gln Ala Leu Gln Gln Glu Ile Thr Asn Thr His Lys Leu Thr Glu  
 1130 1135 1140

Leu Gln Lys Gln Leu Gly Asp Asp Phe Ser Thr Leu Ala Val Ser  
 1145 1150 1155

Ser Gly His Leu Lys Phe Ile Ser Ser Ser Asn Val Asp Asp Tyr  
 1160 1165 1170

Glu Ile Asn Asp Ala Ile Leu Ser Ile Gln Thr Asn Val His Ala  
 1175 1180 1185

Leu Met Asp Thr Val Lys Leu Val Glu Val Glu Leu Gln Lys Leu  
 1190 1195 1200

Pro Pro His Cys Ile Ala Gly Thr Ser Thr Leu Ser Arg Val Val  
 1205 1210 1215

Lys Asp Leu His Lys Leu Val Thr Met Ala His Glu Lys Lys Glu  
 1220 1225 1230

Gln Ala Lys Val Leu Ile Thr Asp Cys Glu Arg Ala His Lys Gln  
 1235 1240 1245

Gln Thr Thr Arg Val Leu Tyr Glu Arg Trp Thr Arg Asp Ile Ile  
 1250 1255 1260

Ala Cys Leu Glu Ala Met Glu Thr Arg His Ile Phe Asn Gly Thr  
 1265 1270 1275

Glu Leu Ala Arg Leu Arg Asp Met Ala Ala Ala Gly Gly Phe Asp  
 1280 1285 1290

Ile His Ala Val Tyr Pro Gln Ala Arg Gln Val Val Ala Ala Cys  
 1295 1300 1305

Glu Thr Thr Ala Val Thr Ala Leu Asp Thr Val Phe Arg His Asn  
 1310 1315 1320

Pro Tyr Thr Pro Glu Asn Thr Asn Ile Pro Pro Pro Leu Ala Leu  
 1325 1330 1335

Leu Arg Gly Leu Thr Trp Phe Asp Asp Phe Ser Ile Thr Ala Pro

1340	1345	1350
------	------	------

Val Phe Thr Val Met Phe Pro Gly Val Ser Ile Glu Gly Leu Leu		
1355	1360	1365

Leu Leu Met Arg Ile Arg Ala Val Val Leu Leu Ser Ala Asp Thr		
1370	1375	1380

Ser Ile Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Arg Asp Met Ile Leu Arg Thr		
1385	1390	1395

Ser Gly Asp Leu Leu Gln Ile Pro Ala Leu Ala Gly Tyr Val Asp		
1400	1405	1410

Phe Tyr Thr Arg Ser Tyr Asp Gln Phe Ile Thr Glu Ser Val Thr		
1415	1420	1425

Leu Ser Glu Leu Arg Ala Asp Ile Arg Gln Ala Ala Gly Ala Lys		
1430	1435	1440

Leu Thr Glu Ala Asn Lys Ala Leu Glu Glu Val Thr His Val Arg		
1445	1450	1455

Ala His Glu Thr Ala Lys Leu Ala Leu Lys Glu Gly Val Phe Ile		
1460	1465	1470

Thr Leu Pro Ser Glu Gly Leu Leu Ile Arg Ala Ile Glu Tyr Phe		
1475	1480	1485

Thr Thr Phe Asp His Lys Arg Phe Ile Gly Thr Ala Tyr Glu Arg		
1490	1495	1500

Val Leu Gln Thr Met Val Asp Arg Asp Leu Lys Glu Ala Asn Ala		
1505	1510	1515

Glu Leu Ala Gln Phe Arg Met Val Cys Gln Ala Thr Lys Asn Arg		
1520	1525	1530

Ala Ile Gln Ile Leu Gln Asn Ile Val Asp Thr Ala Asn Ala Thr  
 1535 1540 1545

Glu Gln Gln Glu Asp Val Asp Phe Thr Asn Leu Lys Thr Leu Leu  
 1550 1555 1560

Lys Leu Thr Pro Pro Pro Lys Thr Ile Ala Leu Ala Ile Asp Arg  
 1565 1570 1575

Ser Thr Ser Val Gln Asp Ile Val Thr Gln Phe Ala Leu Leu Leu  
 1580 1585 1590

Gly Arg Leu Glu Glu Glu Thr Gly Thr Leu Asp Ile Gln Ala Val  
 1595 1600 1605

Asp Trp Met Tyr Gln Ala Arg Asn Ile Ile Asp Ser His Pro Leu  
 1610 1615 1620

Ser Val Arg Ile Asp Gly Thr Gly Pro Leu His Thr Tyr Lys Asp  
 1625 1630 1635

Arg Val Asp Lys Leu Tyr Ala Leu Arg Thr Lys Leu Asp Leu Leu  
 1640 1645 1650

Arg Arg Arg Ile Glu Thr Gly Glu Val Thr Trp Asp Asp Ala Trp  
 1655 1660 1665

Thr Thr Phe Lys Arg Glu Thr Gly Asp Met Leu Ala Ser Gly Asp  
 1670 1675 1680

Thr Tyr Ala Thr Ser Val Asp Ser Ile Lys Ala Leu Gln Ala Ser  
 1685 1690 1695

Ala Ser Val Val Asp Met Leu Cys Ser Glu Pro Glu Phe Phe Leu  
 1700 1705 1710

Leu Pro Val Glu Thr Lys Asn Arg Leu Gln Lys Lys Gln Gln Glu

1715                    1720                    1725

Arg Lys Thr Ala Leu Asp Val Val Leu Gln Lys Gln Arg Gln Phe  
1730                    1735                    1740

Glu Glu Thr Ala Ser Arg Leu Arg Ala Leu Ile Glu Arg Ile Pro  
1745                    1750                    1755

Thr Glu Ser Asp His Asp Val Leu Arg Met Leu Leu Arg Asp Phe  
1760                    1765                    1770

Asp Gln Phe Thr His Leu Pro Ile Trp Ile Lys Thr Gln Tyr Met  
1775                    1780                    1785

Thr Phe Arg Asn Leu Leu Met Val Arg Leu Gly Leu Tyr Ala Ser  
1790                    1795                    1800

Tyr Ala Glu Ile Phe Pro Pro Ala Ser Pro Asn Gly Val Phe Ala  
1805                    1810                    1815

Pro Ile Pro Ala Met Ser Gly Val Cys Leu Glu Asp Gln Ser Arg  
1820                    1825                    1830

Cys Ile Arg Ala Arg Val Ala Ala Phe Met Gly Glu Ala Ser Val  
1835                    1840                    1845

Val Gln Thr Phe Arg Glu Ala Arg Ser Ser Ile Asp Ala Leu Phe  
1850                    1855                    1860

Gly Lys Asn Leu Thr Phe Tyr Leu Asp Thr Asp Gly Val Pro Leu  
1865                    1870                    1875

Arg Tyr Arg Val Cys Tyr Lys Ser Val Gly Val Lys Leu Gly Thr  
1880                    1885                    1890

Met Leu Cys Ser Gln Gly Gly Leu Ser Leu Arg Pro Ala Leu Pro  
1895                    1900                    1905

Asp Glu Gly Ile Val Glu Glu Thr Thr Leu Ser Ala Leu Arg Val  
 1910 1915 1920

Ala Asn Glu Val Asn Glu Leu Arg Ile Glu Tyr Glu Ser Ala Ile  
 1925 1930 1935

Lys Ser Gly Phe Ser Ala Phe Ser Thr Phe Val Arg His Arg His  
 1940 1945 1950

Ala Glu Trp Gly Lys Thr Asn Ala Arg Arg Ala Ile Ala Glu Ile  
 1955 1960 1965

Tyr Ala Gly Leu Ile Thr Thr Thr Leu Thr Arg Gln Tyr Gly Val  
 1970 1975 1980

His Trp Asp Lys Leu Ile Tyr Ser Phe Glu Lys His His Leu Thr  
 1985 1990 1995

Ser Val Met Gly Asn Gly Leu Thr Lys Pro Ile Gln Arg Arg Gly  
 2000 2005 2010

Asp Val Arg Val Leu Glu Leu Thr Leu Ser Asp Ile Val Thr Ile  
 2015 2020 2025

Leu Val Ala Thr Thr Pro Val His Leu Leu Asn Phe Ala Arg Leu  
 2030 2035 2040

Asp Leu Ile Lys Gln His Glu Tyr Met Ala Arg Thr Leu Arg Pro  
 2045 2050 2055

Val Ile Glu Ala Ala Phe Arg Gly Arg Leu Leu Val Arg Ser Leu  
 2060 2065 2070

Asp Gly Asp Pro Lys Gly Asn Ala Arg Ala Phe Phe Asn Ala Ala  
 2075 2080 2085

Pro Ser Lys His Lys Leu Pro Leu Ala Leu Gly Ser Asn Gln Asp

2090	2095	2100
------	------	------

Pro	Thr	Gly	Gly	Arg	Ile	Phe	Ala	Phe	Arg	Met	Ala	Asp	Trp	Lys
2105														

Leu	Val	Lys	Met	Pro	Gln	Lys	Ile	Thr	Asp	Pro	Phe	Ala	Pro	Trp
2120														

Gln	Leu	Ser	Pro	Pro	Pro	Gly	Val	Lys	Ala	Asn	Val	Asp	Ala	Val
2135														

Thr	Arg	Ile	Met	Ala	Thr	Asp	Arg	Leu	Ala	Thr	Ile	Thr	Val	Leu
2150														

Gly	Arg	Met	Cys	Leu	Pro	Pro	Ile	Ser	Leu	Val	Ser	Met	Trp	Asn
2165														

Thr	Leu	Gln	Pro	Glu	Glu	Phe	Ala	Tyr	Arg	Thr	Gln	Asp	Asp	Val
2180														

Asp	Ile	Ile	Val	Asp	Ala	Arg	Leu	Asp	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Asn
2195														

Ala	Arg	Phe	Asp	Thr	Ala	Pro	Ser	Asn	Thr	Thr	Leu	Glu	Trp	Asn
2210														

Thr	Asp	Arg	Lys	Val	Ile	Thr	Asp	Ala	Tyr	Ile	Gln	Thr	Gly	Ala
2225														

Thr	Thr	Val	Phe	Thr	Val	Thr	Gly	Ala	Ala	Pro	Thr	His	Val	Ser
2240														

Asn	Val	Thr	Ala	Phe	Asp	Ile	Ala	Thr	Thr	Ala	Ile	Leu	Phe	Gly
2255														

Ala	Pro	Leu	Val	Ile	Ala	Met	Glu	Leu	Thr	Ser	Val	Phe	Ser	Gln
2270														

Asn Ser Gly Leu Thr Leu Gly Leu Lys Leu Phe Asp Ser Arg His  
 2285 2290 2295

Met Ala Thr Asp Ser Gly Ile Ser Ser Ala Val Ser Pro Asp Ile  
 2300 2305 2310

Val Ser Trp Gly Leu Arg Leu Leu His Met Asp Pro His Pro Ile  
 2315 2320 2325

Glu Asn Ala Cys Leu Ile Val Gln Leu Glu Lys Leu Ser Ala Leu  
 2330 2335 2340

Ile Ala Asn Lys Pro Leu Thr Asn Asn Pro Pro Cys Leu Leu Leu  
 2345 2350 2355

Leu Asp Glu His Met Asn Pro Ser Tyr Val Leu Trp Glu Arg Lys  
 2360 2365 2370

Asp Ser Ile Pro Ala Pro Asp Tyr Val Val Phe Trp Gly Pro Glu  
 2375 2380 2385

Ser Leu Ile Asp Leu Pro Tyr Ile Asp Ser Asp Glu Asp Ser Phe  
 2390 2395 2400

Pro Ser Cys Pro Asp Asp Pro Phe Tyr Ser Gln Ile Ile Ala Gly  
 2405 2410 2415

Tyr Ala Pro Gln Gly Pro Pro Asn Leu Asp Thr Thr Asp Phe Tyr  
 2420 2425 2430

Pro Thr Glu Pro Leu Phe Lys Ser Pro Val Gln Val Val Arg Ser  
 2435 2440 2445

Ser Lys Cys Lys Lys Met Pro Val Arg Pro Ala Gln Pro Ala Gln  
 2450 2455 2460

Pro Ala Gln Pro Ala Gln Pro Ala Gln Thr Val Gln Pro Ala Gln

2465

2470

2475

Pro Ile Glu Pro Gly Thr Gln Ile Val Val Gln Asn Phe Lys Lys  
 2480 2485 2490

Pro Gln Ser Val Lys Thr Thr Leu Ser Gln Lys Asp Ile Pro Leu  
 2495 2500 2505

Tyr Val Glu Thr Glu Ser Glu Thr Ala Val Leu Ile Pro Lys Gln  
 2510 2515 2520

Leu Thr Thr Ser Ile Lys Thr Thr Val Cys Lys Ser Ile Thr Pro  
 2525 2530 2535

Pro Asn Asn Gln Leu Ser Asp Trp Lys Asn Asn Pro Gln Gln Asn  
 2540 2545 2550

Gln Thr Leu Asn Gln Ala Phe Ser Lys Pro Ile Leu Glu Ile Thr  
 2555 2560 2565

Ser Ile Pro Thr Asp Asp Ser Ile Ser Tyr Arg Thr Trp Ile Glu  
 2570 2575 2580

Lys Ser Asn Gln Thr Gln Lys Arg His Gln Asn Asp Pro Arg Met  
 2585 2590 2595

Tyr Asn Ser Lys Thr Val Phe His Pro Val Asn Asn Gln Leu Pro  
 2600 2605 2610

Ser Trp Val Asp Thr Ala Ala Asp Ala Pro Gln Thr Asp Leu Leu  
 2615 2620 2625

Thr Asn Tyr Lys Thr Arg Gln Pro Ser Pro Asn Phe Pro Arg Asp  
 2630 2635 2640

Val His Thr Trp Gly Val Ser Ser Asn Pro Phe Asn Ser Pro Asn  
 2645 2650 2655

Arg Asp Leu Tyr Gln Ser Asp Phe Ser Glu Pro Ser Asp Gly Tyr  
 2660 2665 2670

Ser Ser Glu Ser Glu Asn Ser Ile Val Leu Ser Leu Asp Glu His  
 2675 2680 2685

Arg Ser Cys Arg Val Pro Arg His Val Arg Val Val Asn Ala Asp  
 2690 2695 2700

Val Val Thr Gly Arg Arg Tyr Val Arg Gly Thr Ala Leu Gly Ala  
 2705 2710 2715

Leu Ala Leu Leu Ser Gln Ala Cys Arg Arg Met Ile Asp Asn Val  
 2720 2725 2730

Arg Tyr Thr Arg Lys Leu Leu Met Asp His Thr Glu Asp Ile Phe  
 2735 2740 2745

Gln Gly Leu Gly Tyr Val Lys Leu Leu Leu Asp Gly Thr Tyr Ile  
 2750 2755 2760

<210> 20

<211> 585

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 20

Met Asp Arg Val Glu Ser Glu Glu Pro Met Asp Gly Phe Glu Ser Pro  
 1 5 10 15

Val Phe Ser Glu Asn Thr Ser Ser Asn Ser Gly Trp Cys Ser Asp Ala  
 20 25 30

Phe Ser Asp Ser Tyr Ile Ala Tyr Asn Pro Ala Leu Leu Lys Asn  
 35 40 45

Asp Leu Leu Phe Ser Glu Leu Leu Phe Ala Ser His Leu Ile Asn Val  
 50 55 60

Pro Arg Ala Ile Glu Asn Asn Val Thr Tyr Glu Ala Ser Ser Ala Val  
 65                    70                    75                    80

Gly Val Asp Asn Glu Met Thr Ser Ser Thr Thr Glu Phe Ile Glu Glu  
 85                    90                    95

Ile Gly Asp Val Leu Ala Leu Asp Arg Ala Cys Leu Val Cys Arg Thr  
 100                  105                  110

Leu Asp Leu Tyr Lys Arg Lys Phe Gly Leu Thr Pro Glu Trp Val Ala  
 115                  120                  125

Asp Tyr Ala Met Leu Cys Met Lys Ser Leu Ala Ser Pro Pro Cys Ala  
 130                  135                  140

Val Val Thr Phe Ser Ala Ala Phe Glu Phe Val Tyr Leu Met Asp Arg  
 145                  150                  155                  160

Tyr Tyr Leu Cys Arg Tyr Asn Val Thr Leu Val Gly Ser Phe Ala Arg  
 165                  170                  175

Arg Thr Leu Ser Leu Leu Asp Ile Gln Arg His Phe Phe Leu His Val  
 180                  185                  190

Cys Phe Arg Thr Asp Gly Gly Leu Pro Gly Ile Arg Pro Pro Pro Gly  
 195                  200                  205

Lys Glu Met Ala Asn Lys Val Arg Tyr Ser Asn Tyr Ser Phe Phe Val  
 210                  215                  220

Gln Ala Val Val Arg Ala Ala Leu Leu Ser Ile Ser Thr Ser Arg Leu  
 225                  230                  235                  240

Asp Glu Thr Glu Thr Arg Lys Ser Phe Tyr Phe Asn Gln Asp Gly Leu  
 245                  250                  255

Thr Gly Gly Pro Gln Pro Leu Ala Ala Leu Ala Asn Trp Lys Asp  
 260 265 270

Cys Ala Arg Met Val Asp Cys Ser Ser Ser Glu His Arg Thr Ser Gly  
 275 280 285

Met Ile Thr Cys Ala Glu Arg Ala Leu Lys Glu Asp Ile Glu Phe Glu  
 290 295 300

Asp Ile Leu Ile Asp Lys Leu Lys Ser Ser Tyr Val Glu Ala Ala  
 305 310 315 320

Trp Gly Tyr Ala Asp Leu Ala Leu Leu Leu Ser Gly Val Ala Thr  
 325 330 335

Trp Asn Val Asp Glu Arg Thr Asn Cys Ala Ile Glu Thr Arg Val Gly  
 340 345 350

Cys Val Lys Ser Tyr Trp Gln Ala Asn Arg Ile Glu Asn Ser Arg Asp  
 355 360 365

Val Pro Lys Gln Phe Ser Lys Phe Thr Ser Glu Asp Ala Cys Pro Glu  
 370 375 380

Val Ala Phe Gly Pro Ile Leu Leu Thr Thr Leu Lys Asn Ala Lys Cys  
 385 390 395 400

Arg Gly Arg Thr Asn Thr Glu Cys Met Leu Cys Cys Leu Leu Thr Ile  
 405 410 415

Gly His Tyr Trp Ile Ala Leu Arg Gln Phe Lys Arg Asp Ile Leu Ala  
 420 425 430

Tyr Ser Ala Asn Asn Thr Ser Leu Phe Asp Cys Ile Glu Pro Val Ile  
 435 440 445

Asn Ala Trp Ser Leu Asp Asn Pro Ile Lys Leu Lys Phe Pro Phe Asn  
 450 455 460

Asp Glu Gly Arg Phe Ile Thr Ile Val Lys Ala Ala Gly Ser Glu Ala  
 465 470 475 480

Val Tyr Lys His Leu Phe Cys Asp Leu Leu Cys Ala Leu Ser Glu Leu  
 485 490 495

Gln Thr Asn Pro Lys Ile Leu Phe Ala His Pro Thr Thr Ala Asp Lys  
 500 505 510

Glu Val Leu Glu Leu Tyr Lys Ala Gln Leu Ala Ala Gln Asn Arg Phe  
 515 520 525

Glu Gly Arg Val Cys Ala Gly Leu Trp Thr Leu Ala Tyr Ala Phe Lys  
 530 535 540

Ala Tyr Gln Ile Phe Pro Arg Lys Pro Thr Ala Asn Ala Ala Phe Ile  
 545 550 555 560

Arg Asp Gly Gly Leu Met Leu Arg Arg His Ala Ile Ser Leu Val Ser  
 565 570 575

Leu Glu His Thr Leu Ser Lys Tyr Val  
 580 585

<210> 21

<211> 1204

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 21

Met Glu Asn Thr Gln Lys Thr Val Thr Val Pro Thr Gly Pro Leu Gly  
 1 5 10 15

Tyr Val Tyr Ala Cys Arg Val Glu Asp Leu Asp Leu Glu Glu Ile Ser  
 20 25 30

Phe Leu Ala Ala Arg Ser Thr Asp Ser Asp Leu Ala Leu Leu Pro Leu

35

40

45

Met Arg Asn Leu Thr Val Glu Lys Thr Phe Thr Ser Ser Leu Ala Val  
 50 55 60

Val Ser Gly Ala Arg Thr Thr Gly Leu Ala Gly Ala Gly Ile Thr Leu  
 65 70 75 80

Lys Leu Thr Thr Ser His Phe Tyr Pro Ser Val Phe Val Phe His Gly  
 85 90 95

Gly Lys His Val Leu Pro Ser Ser Ala Ala Pro Asn Leu Thr Arg Ala  
 100 105 110

Cys Asn Ala Ala Arg Glu Arg Phe Gly Phe Ser Arg Cys Gln Gly Pro  
 115 120 125

Pro Val Asp Gly Ala Val Glu Thr Thr Gly Ala Glu Ile Cys Thr Arg  
 130 135 140

Leu Gly Leu Glu Pro Glu Asn Thr Ile Leu Tyr Leu Val Val Thr Ala  
 145 150 155 160

Leu Phe Lys Glu Ala Val Phe Met Cys Asn Val Phe Leu His Tyr Gly  
 165 170 175

Gly Leu Asp Ile Val His Ile Asn His Gly Asp Val Ile Arg Ile Pro  
 180 185 190

Leu Phe Pro Val Gln Leu Phe Met Pro Asp Val Asn Arg Leu Val Pro  
 195 200 205

Asp Pro Phe Asn Thr His His Arg Ser Ile Gly Glu Gly Phe Val Tyr  
 210 215 220

Pro Thr Pro Phe Tyr Asn Thr Gly Leu Cys His Leu Ile His Asp Cys  
 225 230 235 240

Val Ile Ala Pro Met Ala Val Ala Leu Arg Val Arg Asn Val Thr Ala  
 245 250 255

Val Ala Arg Gly Ala Ala His Leu Ala Phe Asp Glu Asn His Glu Gly  
 260 265 270

Ala Val Leu Pro Pro Asp Ile Thr Tyr Thr Tyr Phe Gln Ser Ser Ser  
 275 280 285

Ser Gly Thr Thr Ala Arg Gly Ala Arg Arg Asn Asp Val Asn Ser  
 290 295 300

Thr Ser Lys Pro Ser Pro Ser Gly Gly Phe Glu Arg Arg Leu Ala Ser  
 305 310 315 320

Ile Met Ala Ala Asp Thr Ala Leu His Ala Glu Val Ile Phe Asn Thr  
 325 330 335

Gly Ile Tyr Glu Glu Thr Pro Thr Asp Ile Lys Glu Trp Pro Met Phe  
 340 345 350

Ile Gly Met Glu Gly Thr Leu Pro Arg Leu Asn Ala Leu Gly Ser Tyr  
 355 360 365

Thr Ala Arg Val Ala Gly Val Ile Gly Ala Met Val Phe Ser Pro Asn  
 370 375 380

Ser Ala Leu Tyr Leu Thr Glu Val Glu Asp Ser Gly Met Thr Glu Ala  
 385 390 395 400

Lys Asp Gly Gly Pro Gly Pro Ser Phe Asn Arg Phe Tyr Gln Phe Ala  
 405 410 415

Gly Pro His Leu Ala Ala Asn Pro Gln Thr Asp Arg Asp Gly His Val  
 420 425 430

Leu Ser Ser Gln Ser Thr Gly Ser Ser Asn Thr Glu Phe Ser Val Asp

435

440

445

Tyr Leu Ala Leu Ile Cys Gly Phe Gly Ala Pro Leu Leu Ala Arg Leu  
 450 455 460

Leu Phe Tyr Leu Glu Arg Cys Asp Ala Gly Ala Phe Thr Gly Gly His  
 465 470 475 480

Gly Asp Ala Leu Lys Tyr Val Thr Gly Thr Phe Asp Ser Glu Ile Pro  
 485 490 495

Cys Ser Leu Cys Glu Lys His Thr Arg Pro Val Cys Ala His Thr Thr  
 500 505 510

Val His Arg Leu Arg Gln Arg Met Pro Arg Phe Gly Gln Ala Thr Arg  
 515 520 525

Gln Pro Ile Gly Val Phe Gly Thr Met Asn Ser Gln Tyr Ser Asp Cys  
 530 535 540

Asp Pro Leu Gly Asn Tyr Ala Pro Tyr Leu Ile Leu Arg Lys Pro Gly  
 545 550 555 560

Asp Gln Thr Glu Ala Ala Lys Ala Thr Met Gln Asp Thr Tyr Arg Ala  
 565 570 575

Thr Leu Glu Arg Leu Phe Ile Asp Leu Glu Gln Glu Arg Leu Leu Asp  
 580 585 590

Arg Gly Ala Pro Cys Ser Ser Glu Gly Leu Ser Ser Val Ile Val Asp  
 595 600 605

His Pro Thr Phe Arg Arg Ile Leu Asp Thr Leu Arg Ala Arg Ile Glu  
 610 615 620

Gln Thr Thr Thr Gln Phe Met Lys Val Leu Val Glu Thr Arg Asp Tyr  
 625 630 635 640

Lys Ile Arg Glu Gly Leu Ser Glu Ala Thr His Ser Met Ala Leu Thr  
 645 650 655

Phe Asp Pro Tyr Ser Gly Ala Phe Cys Pro Ile Thr Asn Phe Leu Val  
 660 665 670

Lys Arg Thr His Leu Ala Val Val Gln Asp Leu Ala Leu Ser Gln Cys  
 675 680 685

His Cys Val Phe Tyr Gly Gln Gln Val Glu Gly Arg Asn Phe Arg Asn  
 690 695 700

Gln Phe Gln Pro Val Leu Arg Arg Arg Phe Val Asp Leu Phe Asn Gly  
 705 710 715 720

Gly Phe Ile Ser Thr Arg Ser Ile Thr Val Thr Leu Ser Glu Gly Pro  
 725 730 735

Val Ser Ala Pro Asn Pro Thr Leu Gly Gln Asp Ala Pro Ala Gly Arg  
 740 745 750

Thr Phe Asp Gly Asp Leu Ala Arg Val Ser Val Glu Val Ile Arg Asp  
 755 760 765

Ile Arg Val Lys Asn Arg Val Val Phe Ser Gly Asn Cys Thr Asn Leu  
 770 775 780

Ser Glu Ala Ala Arg Ala Arg Leu Val Gly Leu Ala Ser Ala Tyr Gln  
 785 790 795 800

Arg Gln Glu Lys Arg Val Asp Met Leu His Gly Ala Leu Gly Phe Leu  
 805 810 815

Leu Lys Gln Phe His Gly Leu Leu Phe Pro Arg Gly Met Pro Pro Asn  
 820 825 830

Ser Lys Ser Pro Asn Pro Gln Trp Phe Trp Thr Leu Leu Gln Arg Asn

835

840

845

Gln Met Pro Ala Asp Lys Leu Thr His Glu Glu Ile Thr Thr Ile Ala  
 850 855 860

Ala Val Lys Arg Phe Thr Glu Glu Tyr Ala Ala Ile Asn Phe Ile Asn  
 865 870 875 880

Leu Pro Pro Thr Cys Ile Gly Glu Leu Ala Gln Phe Tyr Met Ala Asn  
 885 890 895

Leu Ile Leu Lys Tyr Cys Asp His Ser Gln Tyr Leu Ile Asn Thr Leu  
 900 905 910

Thr Ser Ile Ile Thr Gly Ala Arg Arg Pro Arg Asp Pro Ser Ser Val  
 915 920 925

Leu His Trp Ile Arg Lys Asp Val Thr Ser Ala Ala Asp Ile Glu Thr  
 930 935 940

Gln Ala Lys Ala Leu Leu Glu Lys Thr Glu Asn Leu Pro Glu Leu Trp  
 945 950 955 960

Thr Thr Ala Phe Thr Ser Thr His Leu Val Arg Ala Ala Met Asn Gln  
 965 970 975

Arg Pro Met Val Val Leu Gly Ile Ser Ile Ser Lys Tyr His Gly Ala  
 980 985 990

Ala Gly Asn Asn Arg Val Phe Gln Ala Gly Asn Trp Ser Gly Leu Asn  
 995 1000 1005

Gly Gly Lys Asn Val Cys Pro Leu Phe Thr Phe Asp Arg Thr Arg  
 1010 1015 1020

Arg Phe Ile Ile Ala Cys Pro Arg Gly Gly Phe Ile Cys Pro Val  
 1025 1030 1035

Thr Gly Pro Ser Ser Gly Asn Arg Glu Thr Thr Leu Ser Asp Gln  
 1040 1045 1050

Val Arg Gly Ile Ile Val Ser Gly Gly Ala Met Val Gln Leu Ala  
 1055 1060 1065

Ile Tyr Ala Thr Val Val Arg Ala Val Gly Ala Arg Ala Gln His  
 1070 1075 1080

Met Ala Phe Asp Asp Trp Leu Ser Leu Thr Asp Asp Glu Phe Leu  
 1085 1090 1095

Ala Arg Asp Leu Glu Glu Leu His Asp Gln Ile Ile Gln Thr Leu  
 1100 1105 1110

Glu Thr Pro Trp Thr Val Glu Gly Ala Leu Glu Ala Val Lys Ile  
 1115 1120 1125

Leu Asp Glu Lys Thr Thr Ala Gly Asp Gly Glu Thr Pro Thr Asn  
 1130 1135 1140

Leu Ala Phe Asn Phe Asp Ser Cys Glu Pro Ser His Asp Thr Thr  
 1145 1150 1155

Ser Asn Val Leu Asn Ile Ser Gly Ser Asn Ile Ser Gly Ser Thr  
 1160 1165 1170

Val Pro Gly Leu Lys Arg Pro Pro Glu Asp Asp Glu Leu Phe Asp  
 1175 1180 1185

Leu Ser Gly Ile Pro Ile Lys His Gly Asn Ile Thr Met Glu Met  
 1190 1195 1200

Ile

&lt;211&gt; 770

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 22

Met	Glu	Leu	Asp	Ile	Asn	Arg	Thr	Leu	Leu	Val	Leu	Leu	Gly	Gln	Val
1				5				10						15	

Tyr	Thr	Tyr	Ile	Phe	Gln	Val	Glu	Leu	Leu	Arg	Arg	Cys	Asp	Pro	Arg
					20			25				30			

Val	Ala	Cys	Arg	Phe	Leu	Tyr	Arg	Leu	Ala	Ala	Asn	Cys	Leu	Thr	Val
					35			40			45				

Arg	Tyr	Leu	Leu	Lys	Leu	Phe	Leu	Arg	Gly	Phe	Asn	Thr	Gln	Leu	Lys
					50			55			60				

Phe	Gly	Asn	Thr	Pro	Thr	Val	Cys	Ala	Leu	His	Trp	Ala	Leu	Cys	Tyr
					65			70		75		80			

Val	Lys	Gly	Glu	Gly	Glu	Arg	Leu	Phe	Glu	Leu	Leu	Gln	His	Phe	Lys
					85				90			95			

Thr	Arg	Phe	Val	Tyr	Gly	Glu	Thr	Lys	Asp	Ser	Asn	Cys	Ile	Lys	Asp
								100		105		110			

Tyr	Phe	Val	Ser	Ala	Phe	Asn	Leu	Lys	Thr	Cys	Gln	Tyr	His	His	Glu
								115		120		125			

Leu	Ser	Leu	Thr	Thr	Tyr	Gly	Gly	Tyr	Val	Ser	Ser	Glu	Ile	Gln	Phe
								130		135		140			

Leu	His	Asp	Ile	Glu	Asn	Phe	Leu	Lys	Gln	Leu	Asn	Tyr	Cys	Tyr	Ile
								145		150		155		160	

Ile	Thr	Ser	Ser	Arg	Glu	Ala	Leu	Asn	Thr	Leu	Glu	Thr	Val	Thr	Arg
								165		170		175			

Phe Met Thr Asp Thr Ile Gly Ser Gly Leu Ile Pro Pro Val Glu Leu  
 180 185 190

Phe Asp Pro Ala His Pro Cys Ala Ile Cys Phe Glu Glu Leu Cys Ile  
 195 200 205

Thr Ala Asn Gln Gly Glu Thr Leu His Arg Arg Leu Leu Gly Cys Ile  
 210 215 220

Cys Asp His Val Thr Lys Gln Val Arg Val Asn Val Asp Val Asp Asp  
 225 230 235 240

Ile Ile Arg Cys Leu Pro Tyr Ile Pro Asp Val Pro Asp Ile Lys Arg  
 245 250 255

Gln Ser Ala Val Glu Ala Leu Arg Thr Leu Gln Thr Lys Thr Val Val  
 260 265 270

Asn Pro Met Gly Ala Lys Asn Asp Thr Phe Asp Gln Thr Tyr Glu Ile  
 275 280 285

Ala Ser Thr Met Leu Asp Ser Tyr Asn Val Phe Lys Pro Ala Pro Arg  
 290 295 300

Cys Met Tyr Ala Ile Ser Glu Leu Lys Phe Trp Leu Thr Ser Asn Ser  
 305 310 315 320

Thr Glu Gly Pro Gln Arg Thr Leu Asp Val Phe Val Asp Asn Leu Asp  
 325 330 335

Val Leu Asn Glu His Glu Lys His Ala Glu Leu Thr Ala Val Thr Val  
 340 345 350

Glu Leu Ala Leu Phe Gly Lys Thr Pro Ile His Phe Asp Arg Ala Phe  
 355 360 365

Ser Glu Glu Leu Gly Ser Leu Asp Ala Ile Asp Ser Ile Leu Val Gly  
 370 375 380

Asn Arg Ser Ser Ser Pro Asp Ser Gln Ile Glu Ala Leu Ile Lys Ala  
385 390 395 400

Cys Tyr Ala His His Leu Ser Ser Pro Leu Met Arg His Ile Ser Asn  
 405                    410                    415

Pro Ser His Asp Asn Glu Ala Ala Leu Arg Gln Leu Leu Glu Arg Val  
420 425 430

Gly Cys Glu Asp Asp Leu Thr Lys Glu Ala Ser Asp Ser Ala Thr Ala  
435 440 445

Ser Glu Cys Asp Leu Asn Asp Asp Ser Ser Ile Thr Phe Ala Val His  
 450 455 460

Gly Trp Glu Asn Leu Leu Ser Lys Ala Lys Ile Asp Ala Ala Glu Arg  
465 470 475 480

Lys Arg Val Tyr Leu Glu His Leu Ser Lys Arg Ser Leu Thr Ser Leu  
485 490 495

Gly Arg Cys Ile Arg Glu Gln Arg Gln Glu Leu Glu Lys Thr Leu Arg  
500 505 510

Val Asn Val Tyr Gly Glu Ala Leu Leu Gln Thr Phe Val Ser Met Gln  
515 520 525

Asn Gly Phe Gly Ala Arg Asn Val Phe Leu Ala Lys Val Ser Gln Ala  
530 535 540

Gly Cys Ile Ile Asp Asn Arg Ile Gln Glu Ala Ala Phe Asp Ala His  
545 550 555 560

Arg Phe Ile Arg Asn Thr Leu Val Arg His Thr Val Asp Ala Ala Met  
 565                    570                    575

Leu Pro Ala Leu Thr His Lys Phe Phe Glu Leu Val Asn Gly Pro Leu  
 580 585 590

Phe Asn His Asp Glu His Arg Phe Ala Gln Pro Pro Asn Thr Ala Leu  
 595 600 605

Phe Phe Thr Val Glu Asn Val Gly Leu Phe Pro His Leu Lys Glu Glu  
 610 615 620

Leu Ala Lys Phe Met Gly Gly Val Val Gly Ser Asn Trp Leu Leu Ser  
 625 630 635 640

Pro Phe Arg Gly Phe Tyr Cys Phe Ser Gly Val Glu Gly Val Thr Phe  
 645 650 655

Ala Gln Arg Leu Ala Trp Lys Tyr Ile Arg Glu Leu Val Phe Ala Thr  
 660 665 670

Thr Leu Phe Thr Ser Val Phe His Cys Gly Glu Val Arg Leu Cys Arg  
 675 680 685

Val Asp Arg Leu Gly Lys Asp Pro Arg Gly Cys Thr Ser Gln Pro Lys  
 690 695 700

Gly Ile Gly Ser Ser His Gly Pro Leu Asp Gly Ile Tyr Leu Thr Tyr  
 705 710 715 720

Glu Glu Thr Cys Pro Leu Val Ala Ile Ile Gln Ser Gly Glu Thr Gly  
 725 730 735

Ile Asp Gln Asn Thr Val Val Ile Tyr Asp Ser Asp Val Phe Ser Leu  
 740 745 750

Leu Tyr Thr Leu Met Gln Arg Leu Ala Pro Asp Ser Thr Asp Pro Ala  
 755 760 765

Phe Ser  
 770

<210> 23  
<211> 868  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 23

Met Phe Val Thr Ala Val Val Ser Val Ser Pro Ser Ser Phe Tyr Glu  
1 5 10 15

Ser Leu Gln Val Glu Pro Thr Gln Ser Glu Asp Ile Thr Arg Ser Ala  
20 25 30

His Leu Gly Asp Gly Asp Glu Ile Arg Glu Ala Ile His Lys Ser Gln  
35 40 45

Asp Ala Glu Thr Lys Pro Thr Phe Tyr Val Cys Pro Pro Pro Thr Gly  
50 55 60

Ser Thr Ile Val Arg Leu Glu Pro Thr Arg Thr Cys Pro Asp Tyr His  
65 70 75 80

Leu Gly Lys Asn Phe Thr Glu Gly Ile Ala Val Val Tyr Lys Glu Asn  
85 90 95

Ile Ala Ala Tyr Lys Phe Lys Ala Thr Val Tyr Tyr Lys Asp Val Ile  
100 105 110

Val Ser Thr Ala Trp Ala Gly Ser Ser Tyr Thr Gln Ile Thr Asn Arg  
115 120 125

Tyr Ala Asp Arg Val Pro Ile Pro Val Ser Glu Ile Thr Asp Thr Ile  
130 135 140

Asp Lys Phe Gly Lys Cys Ser Ser Lys Ala Thr Tyr Val Arg Asn Asn  
145 150 155 160

His Lys Val Glu Ala Phe Asn Glu Asp Lys Asn Pro Gln Asp Met Pro

165

170

175

Leu Ile Ala Ser Lys Tyr Asn Ser Val Gly Ser Lys Ala Trp His Thr  
 180 185 190

Thr Asn Asp Thr Tyr Met Val Ala Gly Thr Pro Gly Thr Tyr Arg Thr  
 195 200 205

Gly Thr Ser Val Asn Cys Ile Ile Glu Glu Val Glu Ala Arg Ser Ile  
 210 215 220

Phe Pro Tyr Asp Ser Phe Gly Leu Ser Thr Gly Asp Ile Ile Tyr Met  
 225 230 235 240

Ser Pro Phe Phe Gly Leu Arg Asp Gly Ala Tyr Arg Glu His Ser Asn  
 245 250 255

Tyr Ala Met Asp Arg Phe His Gln Phe Glu Gly Tyr Arg Gln Arg Asp  
 260 265 270

Leu Asp Thr Arg Ala Leu Leu Glu Pro Ala Ala Arg Asn Phe Leu Val  
 275 280 285

Thr Pro His Leu Thr Val Gly Trp Asn Trp Lys Pro Lys Arg Thr Glu  
 290 295 300

Val Cys Ser Leu Val Lys Trp Arg Glu Val Glu Asp Val Val Arg Asp  
 305 310 315 320

Glu Tyr Ala His Asn Phe Arg Phe Thr Met Lys Thr Leu Ser Thr Thr  
 325 330 335

Phe Ile Ser Glu Thr Asn Glu Phe Asn Leu Asn Gln Ile His Leu Ser  
 340 345 350

Gln Cys Val Lys Glu Glu Ala Arg Ala Ile Ile Asn Arg Ile Tyr Thr  
 355 360 365

Thr Arg Tyr Asn Ser Ser His Val Arg Thr Gly Asp Ile Gln Thr Tyr  
 370                           375                           380

Leu Ala Arg Gly Gly Phe Val Val Val Phe Gln Pro Leu Leu Ser Asn  
 385                           390                           395                           400

Ser Leu Ala Arg Leu Tyr Leu Gln Glu Leu Val Arg Glu Asn Thr Asn  
 405                           410                           415

His Ser Pro Gln Lys His Pro Thr Arg Asn Thr Arg Ser Arg Arg Ser  
 420                           425                           430

Val Pro Val Glu Leu Arg Ala Asn Arg Thr Ile Thr Thr Thr Ser Ser  
 435                           440                           445

Val Glu Phe Ala Met Leu Gln Phe Thr Tyr Asp His Ile Gln Glu His  
 450                           455                           460

Val Asn Glu Met Leu Ala Arg Ile Ser Ser Trp Cys Gln Leu Gln  
 465                           470                           475                           480

Asn Arg Glu Arg Ala Leu Trp Ser Gly Leu Phe Pro Ile Asn Pro Ser  
 485                           490                           495

Ala Leu Ala Ser Thr Ile Leu Asp Gln Arg Val Lys Ala Arg Ile Leu  
 500                           505                           510

Gly Asp Val Ile Ser Val Ser Asn Cys Pro Glu Leu Gly Ser Asp Thr  
 515                           520                           525

Arg Ile Ile Leu Gln Asn Ser Met Arg Val Ser Gly Ser Thr Thr Arg  
 530                           535                           540

Cys Tyr Ser Arg Pro Leu Ile Ser Ile Val Ser Leu Asn Gly Ser Gly  
 545                           550                           555                           560

Thr Val Glu Gly Gln Leu Gly Thr Asp Asn Glu Leu Ile Met Ser Arg

565

570

575

Asp Leu Leu Glu Pro Cys Val Ala Asn His Lys Arg Tyr Phe Leu Phe  
 580 585 590

Gly His His Tyr Val Tyr Tyr Glu Asp Tyr Arg Tyr Val Arg Glu Ile  
 595 600 605

Ala Val His Asp Val Gly Met Ile Ser Thr Tyr Val Asp Leu Asn Leu  
 610 615 620

Thr Leu Leu Lys Asp Arg Glu Phe Met Pro Leu Gln Val Tyr Thr Arg  
 625 630 635 640

Asp Glu Leu Arg Asp Thr Gly Leu Leu Asp Tyr Ser Glu Ile Gln Arg  
 645 650 655

Arg Asn Gln Met His Ser Leu Arg Phe Tyr Asp Ile Asp Lys Val Val  
 660 665 670

Gln Tyr Asp Ser Gly Thr Ala Ile Met Gln Gly Met Ala Gln Phe Phe  
 675 680 685

Gln Gly Leu Gly Thr Ala Gly Gln Ala Val Gly His Val Val Leu Gly  
 690 695 700

Ala Thr Gly Ala Leu Leu Ser Thr Val His Gly Phe Thr Thr Phe Leu  
 705 710 715 720

Ser Asn Pro Phe Gly Ala Leu Ala Val Gly Leu Leu Val Leu Ala Gly  
 725 730 735

Leu Val Ala Ala Phe Phe Ala Tyr Arg Tyr Val Leu Lys Leu Lys Thr  
 740 745 750

Ser Pro Met Lys Ala Leu Tyr Pro Leu Thr Thr Lys Gly Leu Lys Gln  
 755 760 765

Leu Pro Glu Gly Met Asp Pro Phe Ala Glu Lys Pro Asn Ala Thr Asp  
 770                    775                    780

Thr Pro Ile Glu Glu Ile Gly Asp Ser Gln Asn Thr Glu Pro Ser Val  
 785                    790                    795                    800

Asn Ser Gly Phe Asp Pro Asp Lys Phe Arg Glu Ala Gln Glu Met Ile  
 805                    810                    815

Lys Tyr Met Thr Leu Val Ser Ala Ala Glu Arg Gln Glu Ser Lys Ala  
 820                    825                    830

Arg Lys Lys Asn Lys Thr Ser Ala Leu Leu Thr Ser Arg Leu Thr Gly  
 835                    840                    845

Leu Ala Leu Arg Asn Arg Arg Gly Tyr Ser Arg Val Arg Thr Glu Asn  
 850                    855                    860

Val Thr Gly Val  
 865

<210> 24  
 <211> 143  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 24

Met Glu Ser Ser Asn Ile Asn Ala Leu Gln Gln Pro Ser Ser Ile Ala  
 1                    5                    10                    15

His His Pro Ser Lys Gln Cys Ala Ser Ser Leu Asn Glu Thr Val Lys  
 20                    25                    30

Asp Ser Pro Pro Ala Ile Tyr Glu Asp Arg Leu Glu His Thr Pro Val  
 35                    40                    45

Gln Leu Pro Arg Asp Gly Thr Pro Arg Asp Val Cys Ser Val Gly Gln  
 50                    55                    60

Leu Thr Cys Arg Ala Cys Ala Thr Lys Pro Phe Arg Leu Asn Arg Asp  
 65                    70                    75                    80

Ser Gln Tyr Asp Tyr Leu Asn Thr Cys Pro Gly Gly Arg His Ile Ser  
 85                    90                    95

Leu Ala Leu Glu Ile Ile Thr Gly Arg Trp Val Cys Ile Pro Arg Val  
 100                  105                  110

Phe Pro Asp Thr Pro Glu Glu Lys Trp Met Ala Pro Tyr Ile Ile Pro  
 115                  120                  125

Asp Arg Glu Gln Pro Ser Ser Gly Asp Glu Asp Ser Asp Thr Asp  
 130                  135                  140

<210> 25  
<211> 341  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 25

Met Ser Thr Asp Lys Thr Asp Val Lys Met Gly Val Leu Arg Ile Tyr  
 1                    5                    10                    15

Leu Asp Gly Ala Tyr Gly Ile Gly Lys Thr Thr Ala Ala Glu Glu Phe  
 20                  25                  30

Leu His His Phe Ala Ile Thr Pro Asn Arg Ile Leu Leu Ile Gly Glu  
 35                  40                  45

Pro Leu Ser Tyr Trp Arg Asn Leu Ala Gly Glu Asp Ala Ile Cys Gly  
 50                  55                  60

Ile Tyr Gly Thr Gln Thr Arg Arg Leu Asn Gly Asp Val Ser Pro Glu  
 65                  70                  75                  80

Asp Ala Gln Arg Leu Thr Ala His Phe Gln Ser Leu Phe Cys Ser Pro

85

90

95

His Ala Ile Met His Ala Lys Ile Ser Ala Leu Met Asp Thr Ser Thr  
 100 105 110

Ser Asp Leu Val Gln Val Asn Lys Glu Pro Tyr Lys Ile Met Leu Ser  
 115 120 125

Asp Arg His Pro Ile Ala Ser Thr Ile Cys Phe Pro Leu Ser Arg Tyr  
 130 135 140

Leu Val Gly Asp Met Ser Pro Ala Ala Leu Pro Gly Leu Leu Phe Thr  
 145 150 155 160

Leu Pro Ala Glu Pro Pro Gly Thr Asn Leu Val Val Cys Thr Val Ser  
 165 170 175

Leu Pro Ser His Leu Ser Arg Val Ser Lys Arg Ala Arg Pro Gly Glu  
 180 185 190

Thr Val Asn Leu Pro Phe Val Met Val Leu Arg Asn Val Tyr Ile Met  
 195 200 205

Leu Ile Asn Thr Ile Ile Phe Leu Lys Thr Asn Asn Trp His Ala Gly  
 210 215 220

Trp Asn Thr Leu Ser Phe Cys Asn Asp Val Phe Lys Gln Lys Leu Gln  
 225 230 235 240

Lys Ser Glu Cys Ile Lys Leu Arg Glu Val Pro Gly Ile Glu Asp Thr  
 245 250 255

Leu Phe Ala Val Leu Lys Leu Pro Glu Leu Cys Gly Glu Phe Gly Asn  
 260 265 270

Ile Leu Pro Leu Trp Ala Trp Gly Met Glu Thr Leu Ser Asn Cys Ser  
 275 280 285

Arg Ser Met Ser Pro Phe Val Leu Ser Leu Glu Gln Thr Pro Gln His  
 290 295 300

Ala Ala Gln Glu Leu Lys Thr Leu Leu Pro Gln Met Thr Pro Ala Asn  
 305 310 315 320

Met Ser Ser Gly Ala Trp Asn Ile Leu Lys Glu Leu Val Asn Ala Val  
 325 330 335

Gln Asp Asn Thr Ser  
 340

<210> 26  
 <211> 841  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 26

Met Phe Ala Leu Val Leu Ala Val Val Ile Leu Pro Leu Trp Thr Thr  
 1 5 10 15

Ala Asn Lys Ser Tyr Val Thr Pro Thr Pro Ala Thr Arg Ser Ile Gly  
 20 25 30

His Met Ser Ala Leu Leu Arg Glu Tyr Ser Asp Arg Asn Met Ser Leu  
 35 40 45

Lys Leu Glu Ala Phe Tyr Pro Thr Gly Phe Asp Glu Glu Leu Ile Lys  
 50 55 60

Ser Leu His Trp Gly Asn Asp Arg Lys His Val Phe Leu Val Ile Val  
 65 70 75 80

Lys Val Asn Pro Thr Thr His Glu Gly Asp Val Gly Leu Val Ile Phe  
 85 90 95

Pro Lys Tyr Leu Leu Ser Pro Tyr His Phe Lys Ala Glu His Arg Ala  
 100 105 110

Pro Phe Pro Ala Gly Arg Phe Gly Phe Leu Ser His Pro Val Thr Pro  
 115 120 125

Asp Val Ser Phe Phe Asp Ser Ser Phe Ala Pro Tyr Leu Thr Thr Gln  
 130 135 140

His Leu Val Ala Phe Thr Thr Phe Pro Pro Asn Pro Leu Val Trp His  
 145 150 155 160

Leu Glu Arg Ala Glu Thr Ala Ala Thr Ala Glu Arg Pro Phe Gly Val  
 165 170 175

Ser Leu Leu Pro Ala Arg Pro Thr Val Pro Lys Asn Thr Ile Leu Glu  
 180 185 190

His Lys Ala His Phe Ala Thr Trp Asp Ala Leu Ala Arg His Thr Phe  
 195 200 205

Phe Ser Ala Glu Ala Ile Ile Thr Asn Ser Thr Leu Arg Ile His Val  
 210 215 220

Pro Leu Phe Gly Ser Val Trp Pro Ile Arg Tyr Trp Ala Thr Gly Ser  
 225 230 235 240

Val Leu Leu Thr Ser Asp Ser Gly Arg Val Glu Val Asn Ile Gly Val  
 245 250 255

Gly Phe Met Ser Ser Leu Ile Ser Leu Ser Ser Gly Pro Pro Ile Glu  
 260 265 270

Leu Ile Val Val Pro His Thr Val Lys Leu Asn Ala Val Thr Ser Asp  
 275 280 285

Thr Thr Trp Phe Gln Leu Asn Pro Pro Gly Pro Asp Pro Gly Pro Ser  
 290 295 300

Tyr Arg Val Tyr Leu Leu Gly Arg Gly Leu Asp Met Asn Phe Ser Lys  
 305 310 315 320

His Ala Thr Val Asp Ile Cys Ala Tyr Pro Glu Glu Ser Leu Asp Tyr  
 325 330 335

Arg Tyr His Leu Ser Met Ala His Thr Glu Ala Leu Arg Met Thr Thr  
 340 345 350

Lys Ala Asp Gln His Asp Ile Asn Glu Glu Ser Tyr Tyr His Ile Ala  
 355 360 365

Ala Arg Ile Ala Thr Ser Ile Phe Ala Leu Ser Glu Met Gly Arg Thr  
 370 375 380

Thr Glu Tyr Phe Leu Leu Asp Glu Ile Val Asp Val Gln Tyr Gln Leu  
 385 390 395 400

Lys Phe Leu Asn Tyr Ile Leu Met Arg Ile Gly Ala Gly Ala His Pro  
 405 410 415

Asn Thr Ile Ser Gly Thr Ser Asp Leu Ile Phe Ala Asp Pro Ser Gln  
 420 425 430

Leu His Asp Glu Leu Ser Leu Leu Phe Gly Gln Val Lys Pro Ala Asn  
 435 440 445

Val Asp Tyr Phe Ile Ser Tyr Asp Glu Ala Arg Asp Gln Leu Lys Thr  
 450 455 460

Ala Tyr Ala Leu Ser Arg Gly Gln Asp His Val Asn Ala Leu Ser Leu  
 465 470 475 480

Ala Arg Arg Val Ile Met Ser Ile Tyr Lys Gly Leu Leu Val Lys Gln  
 485 490 495

Asn Leu Asn Ala Thr Glu Arg Gln Ala Leu Phe Phe Ala Ser Met Ile  
 500 505 510

Leu Leu Asn Phe Arg Glu Gly Leu Glu Asn Ser Ser Arg Val Leu Asp  
 515 520 525

Gly Arg Thr Thr Leu Leu Met Thr Ser Met Cys Thr Ala Ala His  
 530 535 540

Ala Thr Gln Ala Ala Leu Asn Ile Gln Glu Gly Leu Ala Tyr Leu Asn  
 545 550 555 560

Pro Ser Lys His Met Phe Thr Ile Pro Asn Val Tyr Ser Pro Cys Met  
 565 570 575

Gly Ser Leu Arg Thr Asp Leu Thr Glu Glu Ile His Val Met Asn Leu  
 580 585 590

Leu Ser Ala Ile Pro Thr Arg Pro Gly Leu Asn Glu Val Leu His Thr  
 595 600 605

Gln Leu Asp Glu Ser Glu Ile Phe Asp Ala Ala Phe Lys Thr Met Met  
 610 615 620

Ile Phe Thr Thr Trp Thr Ala Lys Asp Leu His Ile Leu His Thr His  
 625 630 635 640

Val Pro Glu Val Phe Thr Cys Gln Asp Ala Ala Ala Arg Asn Gly Glu  
 645 650 655

Tyr Val Leu Ile Leu Pro Ala Val Gln Gly His Ser Tyr Val Ile Thr  
 660 665 670

Arg Asn Lys Pro Gln Arg Gly Leu Val Tyr Ser Leu Ala Asp Val Asp  
 675 680 685

Val Tyr Asn Pro Ile Ser Val Val Tyr Leu Ser Arg Asp Thr Cys Val  
 690 695 700

Ser Glu His Gly Val Ile Glu Thr Val Ala Leu Pro His Pro Asp Asn  
 705 710 715 720

Leu Lys Glu Cys Leu Tyr Cys Gly Ser Val Phe Leu Arg Tyr Leu Thr  
 725 730 735

Thr Gly Ala Ile Met Asp Ile Ile Ile Asp Ser Lys Asp Thr Glu  
 740 745 750

Arg Gln Leu Ala Ala Met Gly Asn Ser Thr Ile Pro Pro Phe Asn Pro  
 755 760 765

Asp Met His Gly Asp Asp Ser Lys Ala Val Leu Leu Phe Pro Asn Gly  
 770 775 780

Thr Val Val Thr Leu Leu Gly Phe Glu Arg Arg Gln Ala Ile Arg Met  
 785 790 795 800

Ser Gly Gln Tyr Leu Gly Ala Ser Leu Gly Gly Ala Phe Leu Ala Val  
 805 810 815

Val Gly Phe Gly Ile Ile Gly Trp Met Leu Cys Gly Asn Ser Arg Leu  
 820 825 830

Arg Glu Tyr Asn Lys Ile Pro Leu Thr  
 835 840

<210> 27  
 <211> 240  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 27

Met Asn Pro Pro Gln Ala Arg Val Ser Glu Gln Thr Lys Asp Leu Leu  
 1 5 10 15

Ser Val Met Val Asn Gln His Pro Glu Glu Asp Ala Lys Val Cys Lys  
 20 25 30

Ser Ser Asp Asn Ser Pro Leu Tyr Asn Thr Met Val Met Leu Ser Tyr  
 35 40 45

Gly Gly Asp Thr Asp Leu Leu Leu Ser Ser Ala Cys Thr Arg Thr Ser  
 50 55 60

Thr Val Asn Arg Ser Ala Phe Thr Gln His Ser Val Phe Tyr Ile Ile  
 65 70 75 80

Ser Thr Val Leu Ile Gln Pro Ile Cys Cys Ile Phe Phe Phe Tyr  
 85 90 95

Tyr Lys Ala Thr Arg Cys Met Leu Leu Phe Thr Ala Gly Leu Leu Leu  
 100 105 110

Thr Ile Leu His His Phe Arg Leu Ile Ile Met Leu Leu Cys Val Tyr  
 115 120 125

Arg Asn Ile Arg Ser Asp Leu Leu Pro Leu Ser Thr Ser Gln Gln Leu  
 130 135 140

Leu Leu Gly Ile Ile Val Val Thr Arg Thr Met Leu Phe Cys Ile Thr  
 145 150 155 160

Ala Tyr Tyr Thr Leu Phe Ile Asp Thr Arg Val Phe Phe Leu Ile Thr  
 165 170 175

Gly His Leu Gln Ser Glu Val Ile Phe Pro Asp Ser Val Ser Lys Ile  
 180 185 190

Leu Pro Val Ser Trp Gly Pro Ser Pro Ala Val Leu Leu Val Met Ala  
 195 200 205

Ala Val Ile Tyr Ala Met Asp Cys Leu Val Asp Thr Val Ser Phe Ile  
 210 215 220

Gly Pro Arg Val Trp Val Arg Val Met Leu Lys Thr Ser Ile Ser Phe

出証特2005-3035385

225

230

235

240

&lt;210&gt; 28

&lt;211&gt; 1396

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 28

Met	Thr	Thr	Val	Ser	Cys	Pro	Ala	Asn	Val	Ile	Thr	Thr	Glu	Ser
1				5						10			15	

Asp	Arg	Ile	Ala	Gly	Leu	Phe	Asn	Ile	Pro	Ala	Gly	Ile	Ile	Pro	Thr
					20			25					30		

Gly	Asn	Val	Leu	Ser	Thr	Ile	Glu	Val	Cys	Ala	His	Arg	Cys	Ile	Phe
					35			40			45				

Asp	Phe	Phe	Lys	Gln	Ile	Arg	Ser	Asp	Asp	Asn	Ser	Leu	Tyr	Ser	Ala
					50			55			60				

Gln	Phe	Asp	Ile	Leu	Leu	Gly	Thr	Tyr	Cys	Asn	Thr	Leu	Asn	Phe	Val
					65			70		75			80		

Arg	Phe	Leu	Glu	Leu	Gly	Leu	Ser	Val	Ala	Cys	Ile	Cys	Thr	Lys	Phe
					85			90			95				

Pro	Glu	Leu	Ala	Tyr	Val	Arg	Asp	Gly	Val	Ile	Gln	Phe	Glu	Val	Gln
					100				105			110			

Gln	Pro	Met	Ile	Ala	Arg	Asp	Gly	Pro	His	Pro	Val	Asp	Gln	Pro	Val
					115			120			125				

His	Asn	Tyr	Met	Val	Lys	Arg	Ile	His	Lys	Arg	Ser	Leu	Ser	Ala	Ala
					130			135			140				

Phe	Ala	Ile	Ala	Ser	Glu	Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Ser	Asn	Thr	Tyr	Val
					145			150			155			160	

Asp Gly Thr Glu Ile Asp Ser Ser Leu Arg Ile Arg Ala Ile Gln Gln  
 165 170 175

Met Ala Arg Asn Leu Arg Thr Val Leu Asp Ser Phe Glu Arg Gly Thr  
 180 185 190

Ala Asp Gln Leu Leu Gly Val Leu Leu Glu Lys Ala Pro Pro Leu Ser  
 195 200 205

Leu Leu Ser Pro Ile Asn Lys Phe Gln Pro Glu Gly His Leu Asn Arg  
 210 215 220

Val Ala Arg Ala Ala Leu Leu Ser Asp Leu Lys Arg Arg Val Cys Ala  
 225 230 235 240

Asp Met Phe Phe Met Thr Arg His Ala Arg Glu Pro Arg Leu Ile Ser  
 245 250 255

Ala Tyr Leu Ser Asp Met Val Ser Cys Thr Gln Pro Ser Val Met Val  
 260 265 270

Ser Arg Ile Thr His Thr Asn Thr Arg Gly Arg Gln Val Asp Gly Val  
 275 280 285

Leu Val Thr Thr Ala Thr Leu Lys Arg Gln Leu Leu Gln Gly Ile Leu  
 290 295 300

Gln Ile Asp Asp Thr Ala Ala Asp Val Pro Val Thr Tyr Gly Glu Met  
 305 310 315 320

Val Leu Gln Gly Thr Asn Leu Val Thr Ala Leu Val Met Gly Lys Ala  
 325 330 335

Val Arg Gly Met Asp Asp Val Ala Arg His Leu Leu Asp Ile Thr Asp  
 340 345 350

Pro Asn Thr Leu Asn Ile Pro Ser Ile Pro Pro Gln Ser Asn Ser Asp  
 355 360 365

Ser Thr Thr Ala Gly Leu Pro Val Asn Ala Arg Val Pro Ala Asp Leu  
 370                    375                    380

Val Ile Val Gly Asp Lys Leu Val Phe Leu Glu Ala Leu Glu Arg Arg  
 385                    390                    395                    400

Val Tyr Gln Ala Thr Arg Val Ala Tyr Pro Leu Ile Gly Asn Ile Asp  
 405                    410                    415

Ile Thr Phe Ile Met Pro Met Gly Val Phe Gln Ala Asn Ser Met Asp  
 420                    425                    430

Arg Tyr Thr Arg His Ala Gly Asp Phe Ser Thr Val Ser Glu Gln Asp  
 435                    440                    445

Pro Arg Gln Phe Pro Pro Gln Gly Ile Phe Phe Tyr Asn Lys Asp Gly  
 450                    455                    460

Ile Leu Thr Gln Leu Thr Leu Arg Asp Ala Met Gly Thr Ile Cys His  
 465                    470                    475                    480

Ser Ser Leu Leu Asp Val Glu Ala Thr Leu Val Ala Leu Arg Gln Gln  
 485                    490                    495

His Leu Asp Arg Gln Cys Tyr Phe Gly Val Tyr Val Ala Glu Gly Thr  
 500                    505                    510

Glu Asp Thr Leu Asp Val Gln Met Gly Arg Phe Met Glu Thr Trp Ala  
 515                    520                    525

Asp Met Met Pro His His Pro His Trp Val Asn Glu His Leu Thr Ile  
 530                    535                    540

Leu Gln Phe Ile Ala Pro Ser Asn Pro Arg Leu Arg Phe Glu Leu Asn  
 545                    550                    555                    560

Pro Ala Phe Asp Phe Phe Val Ala Pro Gly Asp Val Asp Leu Pro Gly  
565 570 575

Pro Gln Arg Pro Pro Glu Ala Met Pro Thr Val Asn Ala Thr Leu Arg  
580 585 590

Ile Ile Asn Gly Asn Ile Pro Val Pro Leu Cys Pro Ile Ser Phe Arg  
595 600 605

Asp Cys Arg Gly Thr Gln Leu Gly Leu Gly Arg His Thr Met Thr Pro  
610 615 620

Ala Thr Ile Lys Ala Val Lys Asp Thr Phe Glu Asp Arg Ala Tyr Pro  
625 630 635 640

Thr Ile Phe Tyr Met Leu Glu Ala Val Ile His Gly Asn Glu Arg Asn  
645 650 655

Phe Cys Ala Leu Leu Arg Leu Leu Thr Gln Cys Ile Arg Gly Tyr Trp  
660 665 670

Glu Gln Ser His Arg Val Ala Phe Val Asn Asn Phe His Met Leu Met  
675 680 685

Tyr Ile Thr Thr Tyr Leu Gly Asn Gly Glu Leu Pro Glu Val Cys Ile  
690 695 700

Asn Ile Tyr Arg Asp Leu Leu Gln His Val Arg Ala Leu Arg Gln Thr  
705 710 715 720

Ile Thr Asp Phe Thr Ile Gln Gly Glu Gly His Asn Gly Glu Thr Ser  
725 730 735

Glu Ala Leu Asn Asn Ile Leu Thr Asp Asp Thr Phe Ile Ala Pro Ile  
740 745 750

Leu Trp Asp Cys Asp Ala Leu Ile Tyr Arg Asp Glu Ala Ala Arg Asp  
755 760 765

Arg Leu Pro Ala Ile Arg Val Ser Gly Arg Asn Gly Tyr Gln Ala Leu  
 770 775 780

His Phe Val Asp Met Ala Gly His Asn Phe Gln Arg Arg Asp Asn Val  
 785 790 795 800

Leu Ile His Gly Arg Pro Val Arg Gly Asp Thr Gly Gln Gly Ile Pro  
 805 810 815

Ile Thr Pro His His Asp Arg Glu Trp Gly Ile Leu Ser Lys Ile Tyr  
 820 825 830

Tyr Tyr Ile Val Ile Pro Ala Phe Ser Arg Gly Ser Cys Cys Thr Met  
 835 840 845

Gly Val Arg Tyr Asp Arg Leu Tyr Pro Ala Leu Gln Ala Val Ile Val  
 850 855 860

Pro Glu Ile Pro Ala Asp Glu Glu Ala Pro Thr Thr Pro Glu Asp Pro  
 865 870 875 880

Arg His Pro Leu His Ala His Gln Leu Val Pro Asn Ser Leu Asn Val  
 885 890 895

Tyr Phe His Asn Ala His Leu Thr Val Asp Gly Asp Ala Leu Leu Thr  
 900 905 910

Leu Gln Glu Leu Met Gly Asp Met Ala Glu Arg Thr Thr Ala Ile Leu  
 915 920 925

Val Ser Ser Ala Pro Asp Ala Gly Ala Ala Thr Ala Thr Thr Arg Asn  
 930 935 940

Met Arg Ile Tyr Asp Gly Ala Leu Tyr His Gly Leu Ile Met Met Ala  
 945 950 955 960

Tyr Gln Ala Tyr Asp Glu Thr Ile Ala Thr Gly Thr Phe Phe Tyr Pro  
 965 970 975

Val Pro Val Asn Pro Leu Phe Ala Cys Pro Glu His Leu Ala Ser Leu  
 980 985 990

Arg Gly Met Thr Asn Ala Arg Arg Val Leu Ala Lys Met Val Pro Pro  
 995 1000 1005

Ile Pro Pro Phe Leu Gly Ala Asn His His Ala Thr Ile Arg Gln  
 1010 1015 1020

Pro Val Ala Tyr His Val Thr His Ser Lys Ser Asp Phe Asn Thr  
 1025 1030 1035

Leu Thr Tyr Ser Leu Leu Gly Gly Tyr Phe Lys Phe Thr Pro Ile  
 1040 1045 1050

Ser Leu Thr His Gln Leu Arg Thr Gly Phe His Pro Gly Ile Ala  
 1055 1060 1065

Phe Thr Val Val Arg Gln Asp Arg Phe Ala Thr Glu Gln Leu Leu  
 1070 1075 1080

Tyr Ala Glu Arg Ala Ser Glu Ser Tyr Phe Val Gly Gln Ile Gln  
 1085 1090 1095

Val His His His Asp Ala Ile Gly Gly Val Asn Phe Thr Leu Thr  
 1100 1105 1110

Gln Pro Arg Ala His Val Asp Leu Gly Val Gly Tyr Thr Ala Val  
 1115 1120 1125

Cys Ala Thr Ala Ala Leu Arg Cys Pro Leu Thr Asp Met Gly Asn  
 1130 1135 1140

Thr Ala Gln Asn Leu Phe Phe Ser Arg Gly Gly Val Pro Met Leu  
 1145 1150 1155

His Asp Asn Val Thr Glu Ser Leu Arg Arg Ile Thr Ala Ser Gly  
 1160 1165 1170

Gly Arg Leu Asn Pro Thr Glu Pro Leu Pro Ile Phe Gly Gly Leu  
 1175 1180 1185

Arg Pro Ala Thr Ser Ala Gly Ile Ala Arg Gly Gln Ala Ser Val  
 1190 1195 1200

Cys Glu Phe Val Ala Met Pro Val Ser Thr Asp Leu Gln Tyr Phe  
 1205 1210 1215

Arg Thr Ala Cys Asn Pro Arg Gly Arg Ala Ser Gly Met Leu Tyr  
 1220 1225 1230

Met Gly Asp Arg Asp Ala Asp Ile Glu Ala Ile Met Phe Asp His  
 1235 1240 1245

Thr Gln Ser Asp Val Ala Tyr Thr Asp Arg Ala Thr Leu Asn Pro  
 1250 1255 1260

Trp Ala Ser Gln Lys His Ser Tyr Gly Asp Arg Leu Tyr Asn Gly  
 1265 1270 1275

Thr Tyr Asn Leu Thr Gly Ala Ser Pro Ile Tyr Ser Pro Cys Phe  
 1280 1285 1290

Lys Phe Phe Thr Pro Ala Glu Val Asn Thr Asn Cys Asn Thr Leu  
 1295 1300 1305

Asp Arg Leu Leu Met Glu Ala Lys Ala Val Ala Ser Gln Ser Ser  
 1310 1315 1320

Thr Asp Thr Glu Tyr Gln Phe Lys Arg Pro Pro Gly Ser Thr Glu  
 1325 1330 1335

Met Thr Gln Asp Pro Cys Gly Leu Phe Gln Glu Ala Tyr Pro Pro  
 1340 1345 1350

Leu Cys Ser Ser Asp Ala Ala Met Leu Arg Thr Ala His Ala Gly  
 1355 1360 1365

Glu Thr Gly Ala Asp Glu Val His Leu Ala Gln Tyr Leu Ile Arg  
 1370 1375 1380

Asp Ala Ser Pro Leu Arg Gly Cys Leu Pro Leu Pro Arg  
 1385 1390 1395

<210> 29

<211> 316

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 29

Met Ala Met Pro Phe Glu Ile Glu Val Leu Leu Pro Gly Glu Leu Ser  
 1 5 10 15

Pro Ala Glu Thr Ser Ala Leu Gln Lys Cys Glu Gly Lys Ile Ile Thr  
 20 25 30

Phe Ser Thr Leu Arg His Arg Ala Ser Leu Val Asp Ile Ala Leu Ser  
 35 40 45

Ser Tyr Tyr Ile Asn Gly Ala Pro Pro Asp Thr Leu Ser Leu Leu Glu  
 50 55 60

Ala Tyr Arg Met Arg Phe Ala Ala Val Ile Thr Arg Val Ile Pro Gly  
 65 70 75 80

Lys Leu Leu Ala His Ala Ile Gly Val Gly Thr Pro Thr Pro Gly Leu  
 85 90 95

Phe Ile Gln Asn Thr Ser Pro Val Asp Leu Cys Asn Gly Asp Tyr Ile  
 100 105 110

Cys Leu Leu Pro Pro Val Phe Gly Ser Ala Asp Ser Ile Arg Leu Asp  
 115 120 125

Ser Val Gly Leu Glu Ile Val Phe Pro Leu Thr Ile Pro Gln Thr Leu  
 130 135 140

Met Arg Glu Ile Ile Ala Lys Val Val Ala Arg Ala Val Glu Arg Thr  
 145 150 155 160

Ala Ala Gly Ala Gln Ile Leu Pro His Glu Val Leu Arg Gly Ala Asp  
 165 170 175

Val Ile Cys Tyr Asn Gly Arg Arg Tyr Glu Leu Glu Thr Asn Leu Gln  
 180 185 190

His Arg Asp Gly Ser Asp Ala Ala Ile Arg Thr Leu Val Leu Asn Leu  
 195 200 205

Met Phe Ser Ile Asn Glu Gly Cys Leu Leu Leu Ala Leu Ile Pro  
 210 215 220

Thr Leu Leu Val Gln Gly Ala His Asp Gly Tyr Val Asn Leu Leu Ile  
 225 230 235 240

Gln Thr Ala Asn Cys Val Arg Glu Thr Gly Gln Leu Ile Asn Ile Pro  
 245 250 255

Pro Met Pro Arg Ile Gln Asp Gly His Arg Arg Phe Pro Ile Tyr Glu  
 260 265 270

Thr Ile Ser Ser Trp Ile Ser Thr Ser Ser Arg Leu Gly Asp Thr Leu  
 275 280 285

Gly Thr Arg Ala Ile Leu Arg Val Cys Val Phe Asp Gly Pro Ser Thr  
 290 295 300

Val His Pro Gly Asp Arg Thr Ala Val Ile Gln Val

305

310

315

&lt;210&gt; 30

&lt;211&gt; 676

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 30

Met	Glu	Ala	His	Leu	Ala	Asn	Glu	Thr	Lys	His	Ala	Leu	Trp	His	Asn
1				5					10				15		

Asp	His	Thr	Lys	Gly	Leu	Leu	His	Val	Val	Ile	Pro	Asn	Ala	Gly	Leu
					20			25				30			

Ile	Ala	Ala	Gly	Ile	Asp	Pro	Ala	Leu	Leu	Ile	Leu	Lys	Lys	Pro	Gly
				35			40				45				

Gln	Arg	Phe	Lys	Val	Glu	Val	Gln	Thr	Arg	Tyr	His	Ala	Thr	Gly	Gln
				50		55			60						

Cys	Glu	Pro	Trp	Cys	Gln	Val	Phe	Ala	Ala	Tyr	Ile	Pro	Asp	Asn	Ala
				65		70			75			80			

Leu	Thr	Asn	Leu	Leu	Ile	Pro	Lys	Thr	Glu	Pro	Phe	Val	Ser	His	Val
					85			90				95			

Phe	Ser	Ala	Thr	His	Asn	Ser	Gly	Gly	Leu	Ile	Leu	Ser	Leu	Pro	Val
				100				105				110			

Tyr	Leu	Ser	Pro	Gly	Leu	Phe	Phe	Asp	Ala	Phe	Asn	Val	Val	Ala	Ile
					115			120			125				

Arg	Ile	Asn	Thr	Gly	Asn	Arg	Lys	His	Arg	Asp	Ile	Cys	Ile	Met	Tyr
					130			135			140				

Ala	Glu	Leu	Ile	Pro	Asn	Gly	Thr	Arg	Tyr	Phe	Ala	Asp	Gly	Gln	Arg
					145			150			155			160	

Val Leu Leu Leu Cys Lys Gln Leu Ile Ala Tyr Ile Arg Cys Thr Pro  
165 170 175

Arg Leu Ala Ser Ser Ile Lys Ile Tyr Ala Glu His Met Val Ala Ala  
180 185 190

Met Gly Glu Ser His Thr Ser Asn Gly Asp Asn Ile Gly Pro Val Ser  
195 200 205

Ser Ile Ile Asp Leu Asp Arg Gln Leu Thr Ser Gly Gly Ile Asp Asp  
210 215 220

Ser Pro Ala Glu Thr Arg Ile Gln Glu Asn Asn Arg Asp Val Leu Glu  
225 230 235 240

Leu Ile Lys Arg Ala Val Asn Ile Val Asn Ser Arg His Pro Val Arg  
245 250 255

Pro Ser Ser Ser Arg Val Ala Ser Gly Leu Leu Gln Ser Ala Lys Gly  
260 265 270

His Gly Ala Gln Thr Ser Asn Thr Asp Pro Ile Asn Asn Gly Ser Phe  
275 280 285

Asp Gly Val Leu Glu Pro Pro Gly Gln Gly Arg Phe Thr Gly Lys Lys  
290 295 300

Asn Asn Ser Ser Ala Ser Ile Pro Pro Leu Gln Asp Val Leu Leu Phe  
305 310 315 320

Thr Pro Ala Ser Thr Glu Pro Gln Ser Leu Met Glu Trp Phe Asp Ile  
325 330 335

Cys Tyr Ala Gln Leu Val Ser Gly Asp Thr Pro Ala Asp Phe Trp Lys  
340 345 350

Arg Arg Pro Leu Ser Ile Val Pro Arg His Tyr Ala Glu Ser Pro Ser  
355 360 365

Pro Leu Ile Val Val Ser Tyr Asn Gly Ser Ser Ala Trp Gly Gly Arg  
 370                    375                    380

Ile Thr Gly Ser Pro Ile Leu Tyr His Ser Ala Gln Ala Ile Ile Asp  
 385                    390                    395                    400

Ala Ala Cys Ile Asn Ala Arg Val Asp Asn Pro Gln Ser Leu His Val  
 405                    410                    415

Thr Ala Arg Gln Glu Leu Val Ala Arg Leu Pro Phe Leu Ala Asn Val  
 420                    425                    430

Leu Asn Asn Gln Thr Pro Leu Pro Ala Phe Lys Pro Gly Ala Glu Met  
 435                    440                    445

Phe Leu Asn Gln Val Phe Lys Gln Ala Cys Val Thr Ser Leu Thr Gln  
 450                    455                    460

Gly Leu Ile Thr Glu Leu Gln Thr Asn Pro Thr Leu Gln Gln Leu Met  
 465                    470                    475                    480

Glu Tyr Asp Ile Ala Asp Ser Ser Gln Thr Val Ile Asp Glu Ile Val  
 485                    490                    495

Ala Arg Thr Pro Asp Leu Ile Gln Thr Ile Val Ser Val Leu Thr Glu  
 500                    505                    510

Met Ser Met Asp Ala Phe Tyr Asn Ser Ser Leu Met Tyr Ala Val Leu  
 515                    520                    525

Ala Tyr Leu Ser Ser Val Tyr Thr Arg Pro Gln Gly Gly Gly Tyr Ile  
 530                    535                    540

Pro Tyr Leu His Ala Ser Phe Pro Cys Trp Leu Gly Asn Arg Ser Ile  
 545                    550                    555                    560

Tyr Leu Phe Asp Tyr Tyr Asn Ser Gly Gly Glu Ile Leu Lys Leu Ser  
 565 570 575

Lys Val Pro Val Pro Val Ala Leu Glu Lys Val Gly Ile Gly Asn Ser  
 580 585 590

Thr Gln Leu Arg Gly Lys Phe Ile Arg Ser Ala Asp Ile Val Asp Ile  
 595 600 605

Gly Ile Cys Ser Lys Tyr Leu Pro Gly Gln Cys Tyr Ala Tyr Ile Cys  
 610 615 620

Leu Gly Phe Asn Gln Gln Leu Gln Ser Ile Leu Val Leu Pro Gly Gly  
 625 630 635 640

Phe Ala Ala Cys Phe Cys Ile Thr Asp Thr Leu Gln Ala Ala Leu Pro  
 645 650 655

Ala Ser Leu Ile Gly Pro Ile Leu Asp Arg Phe Cys Phe Ser Ile Pro  
 660 665 670

Asn Pro His Lys  
 675

<210> 31  
 <211> 363  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 31

Met Glu Leu Gln Arg Ile Phe Pro Leu Tyr Thr Ala Thr Gly Ala Ala  
 1 5 10 15

Arg Lys Leu Thr Pro Glu Ala Val Gln Arg Leu Cys Asp Ala Leu Thr  
 20 25 30

Leu Asp Met Gly Leu Trp Lys Ser Ile Leu Thr Asp Pro Arg Val Lys  
 35 40 45

Ile Met Arg Ser Thr Ala Phe Ile Thr Leu Arg Ile Ala Pro Phe Ile  
 50 55 60

Pro Leu Gln Thr Asp Thr Thr Asn Ile Ala Val Val Val Ala Thr Ile  
 65 70 75 80

Tyr Ile Thr Arg Pro Arg Gln Met Asn Leu Pro Pro Lys Thr Phe His  
 85 90 95

Val Ile Val Asn Phe Asn Tyr Glu Val Ser Tyr Ala Met Thr Ala Thr  
 100 105 110

Leu Arg Ile Tyr Pro Val Glu Asn Ile Asp His Val Phe Gly Ala Thr  
 115 120 125

Phe Lys Asn Pro Ile Ala Tyr Pro Leu Pro Thr Ser Ile Pro Asp Pro  
 130 135 140

Arg Ala Asp Pro Thr Pro Ala Asp Leu Thr Pro Thr Pro Asn Leu Ser  
 145 150 155 160

Asn Tyr Leu Gln Pro Pro Arg Leu Pro Lys Asn Pro Tyr Ala Cys Lys  
 165 170 175

Val Ile Ser Pro Gly Val Trp Trp Ser Asp Glu Arg Arg Arg Leu Tyr  
 180 185 190

Val Leu Ala Met Glu Pro Asn Leu Ile Gly Leu Cys Pro Ala Gly Trp  
 195 200 205

His Ala Arg Ile Leu Gly Ser Val Leu Asn Arg Leu Leu Ser His Ala  
 210 215 220

Asp Gly Cys Asp Glu Cys Asn His Arg Val His Val Gly Ala Leu Tyr  
 225 230 235 240

Ala Leu Pro His Val Thr Asn His Ala Glu Gly Cys Val Cys Trp Ala

245

250

255

Pro Cys Met Trp Arg Lys Ala Gly Gln Arg Glu Leu Lys Val Glu Val  
 260 265 270

Asp Ile Gly Ala Thr Gln Val Leu Phe Val Asp Val Thr Thr Cys Ile  
 275 280 285

Arg Ile Thr Ser Thr Lys Asn Pro Arg Ile Thr Ala Asn Leu Gly Asp  
 290 295 300

Val Ile Ala Gly Thr Asn Ala Ser Gly Leu Ser Val Pro Val Asn Ser  
 305 310 315 320

Ser Gly Trp Gln Leu Tyr Met Phe Gly Glu Thr Leu Ser Arg Ala Ile  
 325 330 335

Ile Asn Gly Cys Gly Leu Leu Gln Arg Ile Cys Phe Pro Glu Thr Gln  
 340 345 350

Arg Leu Ser Gly Glu Pro Glu Pro Thr Thr Thr  
 355 360

&lt;210&gt; 32

&lt;211&gt; 199

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 32

Met Ser Gly His Thr Pro Thr Tyr Ala Ser His Arg Arg Asn Arg Val  
 1 5 10 15

Lys Leu Val Glu Ala His Asn Arg Ala Gly Leu Phe Lys Glu Arg Thr  
 20 25 30

Leu Asp Leu Ile Arg Gly Gly Ala Ser Val Gln Asp Pro Ala Phe Val  
 35 40 45

Tyr Ala Phe Thr Ala Ala Lys Glu Ala Cys Ala Asp Leu Asn Asn Gln  
 50 55 60

Leu Arg Ser Ala Ala Arg Ile Ala Ser Val Glu Gln Lys Ile Arg Asp  
 65 70 75 80

Ile Gln Ser Lys Val Glu Glu Gln Thr Ser Ile Gln Gln Ile Leu Asn  
 85 90 95

Thr Asn Arg Arg Tyr Ile Ala Pro Asp Phe Ile Arg Gly Leu Asp Lys  
 100 105 110

Thr Glu Asp Asp Asn Thr Asp Asn Ile Asp Arg Leu Glu Asp Ala Val  
 115 120 125

Gly Pro Asn Ile Glu His Glu Asn His Thr Trp Phe Gly Glu Asp Asp  
 130 135 140

Glu Ala Leu Leu Thr Gln Trp Met Leu Thr Thr His Pro Pro Thr Ser  
 145 150 155 160

Lys Tyr Leu Gln Leu Gln Asp Leu Cys Val Pro Thr Thr Ile Pro Thr  
 165 170 175

Asp Met Asn Gln Met Gln Pro Gln Pro Ile Ser Lys Asn Glu Asn Pro  
 180 185 190

Pro Thr Pro His Thr Asp Val  
 195

<210> 33  
 <211> 551  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 33

Met Ala Arg Ser Gly Leu Asp Arg Ile Asp Ile Ser Pro Gln Pro Ala  
 1 5 10 15

Lys Lys Ile Ala Arg Val Gly Gly Leu Gln His Pro Phe Val Lys Thr  
 20 25 30

Asp Ile Asn Thr Ile Asn Val Glu His His Phe Ile Asp Thr Leu Gln  
 35 40 45

Lys Thr Ser Pro Asn Met Asp Cys Arg Gly Met Thr Ala Gly Ile Phe  
 50 55 60

Ile Arg Leu Ser His Met Tyr Lys Ile Leu Thr Thr Leu Glu Ser Pro  
 65 70 75 80

Asn Asp Val Thr Tyr Thr Pro Gly Ser Thr Asn Ala Leu Phe Phe  
 85 90 95

Lys Thr Ser Thr Gln Pro Gln Glu Pro Arg Pro Glu Glu Leu Ala Ser  
 100 105 110

Lys Leu Thr Gln Asp Asp Ile Lys Arg Ile Leu Leu Thr Ile Glu Ser  
 115 120 125

Glu Thr Arg Gly Gln Gly Asp Asn Ala Ile Trp Thr Leu Leu Arg Arg  
 130 135 140

Asn Leu Ile Thr Ala Ser Thr Leu Lys Trp Ser Val Ser Gly Pro Val  
 145 150 155 160

Ile Pro Pro Gln Trp Phe Tyr His His Asn Thr Thr Asp Thr Tyr Gly  
 165 170 175

Asp Ala Ala Ala Met Ala Phe Gly Lys Thr Asn Glu Pro Ala Ala Arg  
 180 185 190

Ala Ile Val Glu Ala Leu Phe Ile Asp Pro Ala Asp Ile Arg Thr Pro  
 195 200 205

Asp His Leu Thr Pro Glu Ala Thr Thr Lys Phe Phe Asn Phe Asp Met

210

215

220

Leu Asn Thr Lys Ser Pro Ser Leu Leu Val Gly Thr Pro Arg Ile Gly  
 225                    230                    235                    240

Thr Tyr Glu Cys Gly Leu Leu Ile Asp Val Arg Thr Gly Leu Ile Gly  
 245                    250                    255

Ala Ser Leu Asp Val Leu Val Cys Asp Arg Asp Pro Leu Thr Gly Thr  
 260                    265                    270

Leu Asn Pro His Pro Ala Glu Thr Asp Ile Ser Phe Phe Glu Ile Lys  
 275                    280                    285

Cys Arg Ala Lys Tyr Leu Phe Asp Pro Asp Asp Lys Asn Asn Pro Leu  
 290                    295                    300

Gly Arg Thr Tyr Thr Thr Leu Ile Asn Arg Pro Thr Met Ala Asn Leu  
 305                    310                    315                    320

Arg Asp Phe Leu Tyr Thr Ile Lys Asn Pro Cys Val Ser Phe Phe Gly  
 325                    330                    335

Pro Ser Ala Asn Pro Ser Thr Arg Glu Ala Leu Ile Thr Asp His Val  
 340                    345                    350

Glu Trp Lys Arg Leu Gly Phe Lys Gly Arg Ala Leu Thr Glu Leu  
 355                    360                    365

Asp Ala His His Leu Gly Leu Asn Arg Thr Ile Ser Ser Arg Val Trp  
 370                    375                    380

Val Phe Asn Asp Pro Asp Ile Gln Lys Gly Thr Ile Thr Thr Ile Ala  
 385                    390                    395                    400

Trp Ala Thr Gly Asp Thr Ala Leu Gln Ile Pro Val Phe Ala Asn Pro  
 405                    410                    415

Arg His Ala Asn Phe Lys Gln Ile Ala Val Gln Thr Tyr Val Leu Ser  
 420 425 430

Gly Tyr Phe Pro Ala Leu Lys Leu Arg Pro Phe Leu Val Thr Phe Ile  
 435 440 445

Gly Arg Val Arg Arg Pro His Glu Val Gly Val Pro Leu Arg Val Asp  
 450 455 460

Thr Gln Ala Ala Ala Ile Tyr Glu Tyr Asn Trp Pro Thr Ile Pro Pro  
 465 470 475 480

His Cys Ala Val Pro Val Ile Ala Val Leu Thr Pro Ile Glu Val Asp  
 485 490 495

Val Pro Arg Val Thr Gln Ile Leu Lys Asp Thr Gly Asn Asn Ala Ile  
 500 505 510

Thr Ser Ala Leu Arg Ser Leu Arg Trp Asp Asn Leu His Pro Ala Val  
 515 520 525

Glu Glu Glu Ser Val Asp Cys Ala Asn Gly Thr Thr Ser Leu Leu Arg  
 530 535 540

Ala Thr Glu Lys Pro Leu Leu  
 545 550

<210> 34  
 <211> 835  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 34

Met Ser Pro Asn Thr Gly Glu Ser Asn Ala Ala Val Tyr Ala Ser Ser  
 1 5 10 15

Thr Gln Leu Ala Arg Ala Leu Tyr Gly Gly Asp Leu Val Ser Trp Ile  
 20 25 30

Lys His Thr His Pro Gly Ile Ser Leu Glu Leu Gln Leu Asp Val Pro  
 35 40 45

Val Lys Leu Ile Lys Pro Gly Met Ser Gln Thr Arg Pro Val Thr Val  
 50 55 60

Val Arg Ala Pro Met Gly Ser Gly Lys Thr Thr Ala Leu Leu Glu Trp  
 65 70 75 80

Leu Gln His Ala Leu Lys Ala Asp Ile Ser Val Leu Val Val Ser Cys  
 85 90 95

Arg Arg Ser Phe Thr Gln Thr Leu Ile Gln Arg Phe Asn Asp Ala Gly  
 100 105 110

Leu Ser Gly Phe Val Thr Tyr Leu Thr Ser Glu Thr Tyr Ile Met Gly  
 115 120 125

Phe Lys Arg Leu Ile Val Gln Leu Glu Ser Leu His Arg Val Ser Ser  
 130 135 140

Glu Ala Ile Asp Ser Tyr Asp Val Leu Ile Leu Asp Glu Val Met Ser  
 145 150 155 160

Val Ile Gly Gln Leu Tyr Ser Pro Thr Met Arg Arg Leu Ser Ala Val  
 165 170 175

Asp Ser Leu Leu Tyr Arg Leu Leu Asn Arg Cys Ser Gln Ile Ile Ala  
 180 185 190

Met Asp Ala Thr Val Asn Ser Gln Phe Ile Asp Leu Ile Ser Gly Leu  
 195 200 205

Arg Gly Asp Glu Asn Ile His Thr Ile Val Cys Thr Tyr Ala Gly Val  
 210 215 220

Gly Phe Ser Gly Arg Thr Cys Thr Ile Leu Arg Asp Met Gly Ile Asp  
 225 230 235 240

Thr Leu Val Arg Val Ile Lys Arg Ser Pro Glu His Glu Asp Val Arg  
 245 250 255

Thr Ile His Gln Leu Arg Gly Thr Phe Phe Asp Glu Leu Ala Leu Arg  
 260 265 270

Leu Gln Cys Gly His Asn Ile Cys Ile Phe Ser Ser Thr Leu Ser Phe  
 275 280 285

Ser Glu Leu Val Ala Gln Phe Cys Ala Ile Phe Thr Asp Ser Ile Leu  
 290 295 300

Ile Leu Asn Ser Thr Arg Pro Leu Cys Asn Val Asn Glu Trp Lys His  
 305 310 315 320

Phe Arg Val Leu Val Tyr Thr Val Val Thr Val Gly Leu Ser Phe  
 325 330 335

Asp Met Ala His Phe His Ser Met Phe Ala Tyr Ile Lys Pro Met Ser  
 340 345 350

Tyr Gly Pro Asp Met Val Ser Val Tyr Gln Ser Leu Gly Arg Val Arg  
 355 360 365

Leu Leu Leu Leu Asn Glu Val Leu Met Tyr Val Asp Gly Ser Arg Thr  
 370 375 380

Arg Cys Gly Pro Leu Phe Ser Pro Met Leu Leu Asn Phe Thr Ile Ala  
 385 390 395 400

Asn Lys Phe Gln Trp Phe Pro Thr His Thr Gln Ile Thr Asn Lys Leu  
 405 410 415

Cys Cys Ala Phe Arg Gln Arg Cys Ala Asn Ala Phe Thr Arg Ser Asn  
 420 425 430

Thr His Leu Phe Ser Arg Phe Lys Tyr Lys His Leu Phe Glu Arg Cys  
435 440 445

Ser Leu Trp Ser Leu Ala Asp Ser Ile Asn Ile Leu Gln Thr Leu Leu  
450 455 460

Ala Ser Asn Gln Ile Leu Val Val Leu Asp Gly Met Gly Pro Ile Thr  
465 470 475 480

Asp Val Ser Pro Val Gln Phe Cys Ala Phe Ile His Asp Leu Arg His  
485 490 495

Ser Ala Asn Ala Val Ala Ser Cys Met Arg Ser Leu Arg Gln Asp Asn  
500 505 510

Asp Ser Cys Leu Thr Asp Phe Gly Pro Ser Gly Phe Met Ala Asp Asn  
515 520 525

Ile Thr Ala Phe Met Glu Lys Tyr Leu Met Glu Ser Ile Asn Thr Glu  
530 535 540

Glu Gln Ile Lys Val Phe Lys Ala Leu Ala Cys Pro Ile Glu Gln Pro  
545 550 555 560

Arg Leu Val Asn Thr Ala Ile Leu Gly Ala Cys Ile Arg Ile Pro Glu  
565 570 575

Ala Leu Glu Ala Phe Asp Val Phe Gln Lys Ile Tyr Thr His Tyr Ala  
580 585 590

Ser Gly Trp Phe Pro Val Leu Asp Lys Thr Gly Glu Phe Ser Ile Ala  
595 600 605

Thr Ile Thr Thr Ala Pro Asn Leu Thr Thr His Trp Glu Leu Phe Arg  
610 615 620

Arg Cys Ala Tyr Ile Ala Lys Thr Leu Lys Trp Asn Pro Ser Thr Glu  
 625 630 635 640

Gly Cys Val Thr Gln Val Leu Asp Thr Asp Ile Asn Thr Leu Phe Asn  
 645 650 655

Gln His Gly Asp Ser Leu Ala Gln Leu Ile Phe Glu Val Met Arg Cys  
 660 665 670

Asn Val Thr Asp Ala Lys Ile Ile Leu Asn Arg Pro Val Trp Arg Thr  
 675 680 685

Thr Gly Phe Leu Asp Gly Cys His Asn Gln Cys Phe Arg Pro Ile Pro  
 690 695 700

Thr Lys His Glu Tyr Asn Ile Ala Leu Phe Arg Leu Ile Trp Glu Gln  
 705 710 715 720

Leu Phe Gly Ala Arg Val Thr Lys Ser Thr Gln Thr Phe Pro Gly Ser  
 725 730 735

Thr Arg Val Lys Asn Leu Lys Lys Asp Leu Glu Thr Leu Leu Asp  
 740 745 750

Ser Ile Asn Val Asp Arg Ser Ala Cys Arg Thr Tyr Arg Gln Leu Tyr  
 755 760 765

Asn Leu Leu Met Ser Gln Arg His Ser Phe Ser Gln Gln Arg Tyr Lys  
 770 775 780

Ile Thr Ala Pro Ala Trp Ala Arg His Val Tyr Phe Gln Ala His Gln  
 785 790 795 800

Met His Leu Ala Pro His Ala Glu Ala Met Leu Gln Leu Ala Leu Ser  
 805 810 815

Glu Leu Ser Pro Gly Ser Trp Pro Arg Ile Asn Gly Ala Val Asn Phe  
 820 825 830

Glu Ser Leu  
835

<210> 35  
<211> 771  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 35

Met Asp Ala Thr Gln Ile Thr Leu Val Arg Glu Ser Gly His Ile Cys  
1 5 10 15

Ala Ala Ser Ile Tyr Thr Ser Trp Thr Gln Ser Gly Gln Leu Thr Gln  
20 25 30

Asn Gly Leu Ser Val Leu Tyr Tyr Leu Leu Cys Lys Asn Ser Cys Gly  
35 40 45

Lys Tyr Val Pro Lys Phe Ala Glu Ile Thr Val Gln Gln Glu Asp Leu  
50 55 60

Cys Arg Tyr Ser Arg His Gly Gly Ser Val Ser Ala Ala Thr Phe Ala  
65 70 75 80

Ser Ile Cys Arg Ala Ala Ser Ser Ala Ala Leu Asp Ala Trp Pro Leu  
85 90 95

Glu Pro Leu Gly Asn Ala Asp Thr Trp Arg Cys Leu His Gly Thr Ala  
100 105 110

Leu Ala Thr Leu Arg Arg Val Leu Gly Phe Lys Ser Phe Tyr Ser Pro  
115 120 125

Val Thr Phe Glu Thr Asp Thr Asn Thr Gly Leu Leu Leu Lys Thr Ile  
130 135 140

Pro Asp Glu His Ala Leu Asn Asn Asp Asn Thr Pro Ser Thr Gly Val

出証特2005-3035385

145

150

155

160

Leu Arg Ala Asn Phe Pro Val Ala Ile Asp Val Ser Ala Val Ser Ala  
 165 170 175

Cys Asn Ala His Thr Gln Gly Thr Ser Leu Ala Tyr Ala Arg Leu Thr  
 180 185 190

Ala Leu Lys Ser Asn Gly Asp Thr Gln Gln Gln Thr Pro Leu Asp Val  
 195 200 205

Glu Val Ile Thr Pro Lys Ala Tyr Ile Arg Arg Lys Tyr Lys Ser Thr  
 210 215 220

Phe Ser Pro Pro Ile Glu Arg Glu Gly Gln Thr Ser Asp Leu Phe Asn  
 225 230 235 240

Leu Glu Glu Arg Arg Leu Val Leu Ser Gly Asn Arg Ala Ile Val Val  
 245 250 255

Arg Val Leu Leu Pro Cys Tyr Phe Asp Cys Leu Thr Thr Asp Ser Thr  
 260 265 270

Val Thr Ser Ser Leu Ser Ile Leu Ala Thr Tyr Arg Leu Trp Tyr Ala  
 275 280 285

Ala Ala Phe Gly Lys Pro Gly Val Val Arg Pro Ile Phe Ala Tyr Leu  
 290 295 300

Gly Pro Glu Leu Asn Pro Lys Gly Glu Asp Arg Asp Tyr Phe Cys Thr  
 305 310 315 320

Val Gly Phe Pro Gly Trp Thr Thr Leu Arg Thr Gln Thr Pro Ala Val  
 325 330 335

Glu Ser Ile Arg Thr Ala Thr Glu Met Tyr Met Glu Thr Asp Gly Leu  
 340 345 350

Trp Pro Val Thr Gly Ile Gln Ala Phe His Tyr Leu Ala Pro Trp Gly  
 355 360 365

Gln His Pro Pro Leu Pro Pro Arg Val Gln Asp Leu Ile Gly Gln Ile  
 370 375 380

Pro Gln Asp Thr Gly His Ala Asp Ala Thr Val Asn Trp Asp Ala Gly  
 385 390 395 400

Arg Ile Ser Thr Val Phe Lys Gln Pro Val Gln Leu Gln Asp Arg Trp  
 405 410 415

Met Ala Lys Phe Asp Phe Ser Ala Phe Phe Pro Thr Ile Tyr Cys Ala  
 420 425 430

Met Phe Pro Met His Phe Arg Leu Gly Lys Ile Val Leu Ala Arg Met  
 435 440 445

Arg Arg Gly Met Gly Cys Leu Lys Pro Ala Leu Val Ser Phe Phe Gly  
 450 455 460

Gly Leu Arg His Ile Leu Pro Ser Ile Tyr Lys Ala Ile Ile Phe Ile  
 465 470 475 480

Ala Asn Glu Ile Ser Leu Cys Val Glu Gln Thr Ala Leu Glu Gln Gly  
 485 490 495

Phe Ala Ile Cys Thr Tyr Ile Lys Asp Gly Phe Trp Gly Ile Phe Thr  
 500 505 510

Asp Leu His Thr Arg Asn Val Cys Ser Asp Gln Ala Arg Cys Ser Ala  
 515 520 525

Leu Asn Leu Ala Ala Thr Cys Glu Arg Ala Val Thr Gly Leu Leu Arg  
 530 535 540

Ile Gln Leu Gly Leu Asn Phe Thr Pro Ala Met Glu Pro Val Leu Arg

545	550	555	560
-----	-----	-----	-----

Val	Glu	Gly	Val	Tyr	Thr	His	Ala	Phe	Thr	Trp	Cys	Thr	Thr	Gly	Ser
				565						570					575

Trp	Leu	Trp	Asn	Leu	Gln	Thr	Asn	Thr	Pro	Pro	Asp	Leu	Val	Gly	Val
				580				585							590

Pro	Trp	Arg	Ser	Gln	Ala	Ala	Arg	Asp	Leu	Lys	Glu	Arg	Leu	Ser	Gly
				595				600							605

Leu	Leu	Cys	Thr	Ala	Thr	Lys	Ile	Arg	Glu	Arg	Ile	Gln	Glu	Asn	Cys
				610				615							620

Ile	Trp	Asp	His	Val	Leu	Tyr	Asp	Ile	Trp	Ala	Gly	Gln	Val	Val	Glu
				625				630				635			640

Ala	Ala	Arg	Lys	Thr	Tyr	Val	Asp	Phe	Phe	Glu	His	Val	Phe	Asp	Arg
				645				650							655

Arg	Tyr	Thr	Pro	Val	Tyr	Trp	Ser	Leu	Gln	Glu	Gln	Asn	Ser	Glu	Thr
				660				665							670

Lys	Ala	Ile	Pro	Ala	Ser	Tyr	Leu	Thr	Tyr	Gly	His	Met	Gln	Asp	Lys
				675				680							685

Asp	Tyr	Lys	Pro	Arg	Gln	Ile	Ile	Met	Val	Arg	Asn	Pro	Asn	Pro	His
				690				695				700			

Gly	Pro	Pro	Thr	Val	Val	Tyr	Trp	Glu	Leu	Leu	Pro	Ser	Cys	Ala	Cys
				705				710				715			720

Ile	Pro	Pro	Ile	Asp	Cys	Ala	Ala	His	Leu	Lys	Pro	Leu	Ile	His	Thr
				725				730							735

Phe	Val	Thr	Ile	Ile	Asn	His	Leu	Leu	Asp	Ala	His	Asn	Asp	Phe	Ser
				740				745							750

Ser Pro Ser Leu Lys Phe Thr Asp Asp Pro Leu Ala Ser Tyr Asn Phe  
 755                            760                            765

Leu Phe Leu  
 770

<210> 36  
 <211> 881  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster  
 <400> 36

Met Lys Arg Ser Ile Ser Val Asp Ser Ser Ser Pro Lys Asn Val Phe  
 1                                5                                10                            15

Asn Pro Glu Thr Pro Asn Gly Phe Asp Asp Ser Val Tyr Leu Asn Phe  
 20                                25                                30

Thr Ser Met His Ser Ile Gln Pro Ile Leu Ser Arg Ile Arg Glu Leu  
 35                                40                                45

Ala Ala Ile Thr Ile Pro Lys Glu Arg Val Pro Arg Leu Cys Trp Phe  
 50                                55                                60

Lys Gln Leu Leu Glu Leu Gln Ala Pro Pro Glu Met Gln Arg Asn Glu  
 65                                70                                75                                80

Leu Pro Phe Ser Val Tyr Leu Ile Ser Gly Asn Ala Gly Ser Gly Lys  
 85                                90                                95

Ser Thr Cys Ile Gln Thr Leu Asn Glu Ala Ile Asp Cys Ile Ile Thr  
 100                                105                                110

Gly Ser Thr Arg Val Ala Ala Gln Asn Val His Ala Lys Leu Ser Thr  
 115                                120                                125

Ala Tyr Ala Ser Arg Pro Ile Asn Thr Ile Phe His Glu Phe Gly Phe  
 130                                135                                140

Arg Gly Asn His Ile Gln Ala Gln Leu Gly Arg Tyr Ala Tyr Asn Trp  
 145 150 155 160

Thr Thr Thr Pro Pro Ser Ile Glu Asp Leu Gln Lys Arg Asp Ile Val  
 165 170 175

Tyr Tyr Trp Glu Val Leu Ile Asp Ile Thr Lys Arg Val Phe Gln Met  
 180 185 190

Gly Asp Asp Gly Arg Gly Gly Thr Ser Thr Phe Lys Thr Leu Trp Ala  
 195 200 205

Ile Glu Arg Leu Leu Asn Lys Pro Thr Gly Ser Met Ser Gly Thr Ala  
 210 215 220

Phe Ile Ala Cys Gly Ser Leu Pro Ala Phe Thr Arg Ser Asn Val Ile  
 225 230 235 240

Val Ile Asp Glu Ala Gly Leu Leu Gly Arg His Ile Leu Thr Ala Val  
 245 250 255

Val Tyr Cys Trp Trp Leu Leu Asn Ala Ile Tyr Gln Ser Pro Gln Tyr  
 260 265 270

Ile Asn Gly Arg Lys Pro Val Ile Val Cys Val Gly Ser Pro Thr Gln  
 275 280 285

Thr Asp Ser Leu Glu Ser His Phe Gln His Asp Met Gln Arg Ser His  
 290 295 300

Val Thr Pro Ser Glu Asn Ile Leu Thr Tyr Ile Ile Cys Asn Gln Thr  
 305 310 315 320

Leu Arg Gln Tyr Thr Asn Ile Ser His Asn Trp Ala Ile Phe Ile Asn  
 325 330 335

Asn Lys Arg Cys Gln Glu Asp Asp Phe Gly Asn Leu Leu Lys Thr Leu  
 340                    345                    350

Glu Tyr Gly Leu Pro Ile Thr Glu Ala His Ala Arg Leu Val Asp Thr  
355 360 365

Phe Val Val Pro Ala Ser Tyr Ile Asn Asn Pro Ala Asn Leu Pro Gly  
370 375 380

Trp Thr Arg Leu Tyr Ser Ser His Lys Glu Val Ser Ala Tyr Met Ser  
385 390 395 400

Lys Leu His Ala His Leu Lys Leu Ser Lys Asn Asp His Phe Ser Val  
405 410 415

Phe Ala Leu Pro Thr Tyr Thr Phe Ile Arg Leu Thr Ala Phe Asp Glu  
420 425 430

Tyr Arg Lys Leu Thr Gly Gln Pro Gly Leu Ser Val Glu His Trp Ile  
 435                  440                  445

Arg Ala Asn Ser Gly Arg Leu His Asn Tyr Ser Gln Ser Arg Asp His  
450 455 460

Asp Met Gly Thr Val Lys Tyr Glu Thr His Ser Asn Arg Asp Leu Ile  
465 470 475 480

Val Ala Arg Thr Asp Ile Thr Tyr Val Leu Asn Ser Leu Val Val Val  
485 490 495

Thr Thr Arg Leu Arg Lys Leu Val Ile Gly Phe Ser Gly Thr Phe Gln  
500 505 510

Ser Phe Ala Lys Val Leu Arg Asp Asp Ser Phe Val Lys Ala Arg Gly  
515 520 525

Glu Thr Ser Ile Glu Tyr Ala Tyr Arg Phe Leu Ser Asn Leu Ile Phe  
 530                    535                    540

Gly Gly Leu Ile Asn Phe Tyr Asn Phe Leu Leu Asn Lys Asn Leu His  
 545 550 555 560

Pro Asp Lys Val Ser Leu Ala Tyr Lys Arg Leu Ala Ala Leu Thr Leu  
 565 570 575

Glu Leu Leu Ser Gly Thr Asn Lys Ala Pro Leu His Glu Ala Ala Val  
 580 585 590

Asn Gly Ala Gly Ala Gly Ile Asp Cys Asp Gly Ala Ala Thr Ser Ala  
 595 600 605

Asp Lys Ala Phe Cys Phe Thr Lys Ala Pro Glu Ser Lys Val Thr Ala  
 610 615 620

Ser Ile Pro Glu Asp Pro Asp Asp Val Ile Phe Thr Ala Leu Asn Asp  
 625 630 635 640

Glu Val Ile Asp Leu Val Tyr Cys Gln Tyr Glu Phe Ser Tyr Pro Lys  
 645 650 655

Ser Ser Asn Glu Val His Ala Gln Phe Leu Leu Met Lys Ala Ile Tyr  
 660 665 670

Asp Gly Arg Tyr Ala Ile Leu Ala Glu Leu Phe Glu Ser Ser Phe Thr  
 675 680 685

Thr Ala Pro Phe Ser Ala Tyr Val Asp Asn Val Asn Phe Asn Gly Ser  
 690 695 700

Glu Leu Leu Ile Gly Asn Val Arg Gly Gly Leu Leu Ser Leu Ala Leu  
 705 710 715 720

Gln Thr Asp Thr Tyr Thr Leu Leu Gly Tyr Thr Phe Ala Pro Val Pro  
 725 730 735

Val Phe Val Glu Glu Leu Thr Arg Lys Lys Leu Tyr Arg Glu Thr Thr  
 740 745 750

Glu Met Leu Tyr Ala Leu His Val Pro Leu Met Val Leu Gln Asp Gln  
 755 760 765

His Gly Phe Val Ser Ile Val Asn Ala Asn Val Cys Glu Phe Thr Glu  
 770 775 780

Ser Ile Glu Asp Ala Glu Leu Ala Met Ala Thr Thr Val Asp Tyr Gly  
 785 790 795 800

Leu Ser Ser Lys Leu Ala Met Thr Ile Ala Arg Ser Gln Gly Leu Ser  
 805 810 815

Leu Glu Lys Val Ala Ile Cys Phe Thr Ala Asp Lys Leu Arg Leu Asn  
 820 825 830

Ser Val Tyr Val Ala Met Ser Arg Thr Val Ser Ser Arg Phe Leu Lys  
 835 840 845

Met Asn Leu Asn Pro Leu Arg Glu Arg Tyr Glu Lys Ser Ala Glu Ile  
 850 855 860

Ser Asp His Ile Leu Ala Ala Leu Arg Asp Pro Asn Val His Val Val  
 865 870 875 880

Tyr

<210> 37  
 <211> 278  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 37

Met Phe Cys Thr Ser Pro Ala Thr Arg Gly Asp Ser Ser Glu Ser Lys  
 1 5 10 15

Pro Gly Ala Ser Val Asp Val Asn Gly Lys Met Glu Tyr Gly Ser Ala  
 20 25 30

Pro Gly Pro Leu Asn Gly Arg Asp Thr Ser Arg Gly Pro Gly Ala Phe  
 35 40 45

Cys Thr Pro Gly Trp Glu Ile His Pro Ala Arg Leu Val Glu Asp Ile  
 50 55 60

Asn Arg Val Phe Leu Cys Ile Ala Gln Ser Ser Gly Arg Val Thr Arg  
 65 70 75 80

Asp Ser Arg Arg Leu Arg Arg Ile Cys Leu Asp Phe Tyr Leu Met Gly  
 85 90 95

Arg Thr Arg Gln Arg Pro Thr Leu Ala Cys Trp Glu Glu Leu Leu Gln  
 100 105 110

Leu Gln Pro Thr Gln Thr Gln Cys Leu Arg Ala Thr Leu Met Glu Val  
 115 120 125

Ser His Arg Pro Pro Arg Gly Glu Asp Gly Phe Ile Glu Ala Pro Asn  
 130 135 140

Val Pro Leu His Arg Ser Ala Leu Glu Cys Asp Val Ser Asp Asp Gly  
 145 150 155 160

Gly Glu Asp Asp Ser Asp Asp Gly Ser Thr Pro Ser Asp Val Ile  
 165 170 175

Glu Phe Arg Asp Ser Asp Ala Glu Ser Ser Asp Gly Glu Asp Phe Ile  
 180 185 190

Val Glu Glu Glu Ser Glu Glu Ser Thr Asp Ser Cys Glu Pro Asp Gly  
 195 200 205

Val Pro Gly Asp Cys Tyr Arg Asp Gly Asp Gly Cys Asn Thr Pro Ser

210

215

220

Pro Lys Arg Pro Gln Arg Ala Ile Glu Arg Tyr Ala Gly Ala Glu Thr  
 225                    230                    235                    240

Ala Glu Tyr Thr Ala Ala Lys Ala Leu Thr Ala Leu Gly Glu Gly Gly  
 245                    250                    255

Val Asp Trp Lys Arg Arg Arg His Glu Ala Pro Arg Arg His Asp Ile  
 260                    265                    270

Pro Pro Pro His Gly Val  
 275

<210> 38  
 <211> 180  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 38

Met Asn Leu Cys Gly Ser Arg Gly Glu His Pro Gly Gly Glu Tyr Ala  
 1                    5                    10                    15

Gly Leu Tyr Cys Thr Arg His Asp Thr Pro Ala His Gln Ala Leu Met  
 20                    25                    30

Asn Asp Ala Glu Arg Tyr Phe Ala Ala Ala Leu Cys Ala Ile Ser Thr  
 35                    40                    45

Glu Ala Tyr Glu Ala Phe Ile His Ser Pro Ser Glu Arg Pro Cys Ala  
 50                    55                    60

Ser Leu Trp Gly Arg Ala Lys Asp Ala Phe Gly Arg Met Cys Gly Glu  
 65                    70                    75                    80

Leu Ala Ala Asp Arg Gln Arg Pro Pro Ser Val Pro Pro Ile Arg Arg  
 85                    90                    95

Ala Val Leu Ser Leu Leu Arg Glu Gln Cys Met Pro Asp Pro Gln Ser  
 100 105 110

His Leu Glu Leu Ser Glu Arg Leu Ile Leu Met Ala Tyr Trp Cys Cys  
 115 120 125

Leu Gly His Ala Gly Leu Pro Thr Ile Gly Leu Ser Pro Asp Asn Lys  
 130 135 140

Cys Ile Arg Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Pro Gly Gly Ile Cys His Arg  
 145 150 155 160

Leu Phe Asp Ala Tyr Leu Gly Cys Gly Ser Leu Gly Val Pro Arg Thr  
 165 170 175

Tyr Glu Arg Ser  
 180

<210> 39  
 <211> 393  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 39

Met Asn Asp Val Asp Ala Thr Asp Thr Phe Val Gly Gln Gly Lys Phe  
 1 5 10 15

Arg Gly Ala Ile Ser Thr Ser Pro Ser His Ile Met Gln Thr Cys Gly  
 20 25 30

Phe Ile Gln Gln Met Phe Pro Val Glu Met Ser Pro Gly Ile Glu Ser  
 35 40 45

Glu Asp Asp Pro Asn Tyr Asp Val Asn Met Asp Ile Gln Ser Phe Asn  
 50 55 60

Ile Phe Asp Gly Val His Glu Thr Glu Ala Glu Ala Ser Val Ala Leu  
 65 70 75 80

Cys Ala Glu Ala Arg Val Gly Ile Asn Lys Ala Gly Phe Val Ile Leu  
 85 90 95

Lys Thr Phe Thr Pro Gly Ala Glu Gly Phe Ala Phe Ala Cys Met Asp  
 100 105 110

Ser Lys Thr Cys Glu His Val Val Ile Lys Ala Gly Gln Arg Gln Gly  
 115 120 125

Thr Ala Thr Glu Ala Thr Val Leu Arg Ala Leu Thr His Pro Ser Val  
 130 135 140

Val Gln Leu Lys Gly Thr Phe Thr Tyr Asn Lys Met Thr Cys Leu Ile  
 145 150 155 160

Leu Pro Arg Tyr Arg Thr Asp Leu Tyr Cys Tyr Leu Ala Ala Lys Arg  
 165 170 175

Asn Leu Pro Ile Cys Asp Ile Leu Ala Ile Gln Arg Ser Val Leu Arg  
 180 185 190

Ala Leu Gln Tyr Leu His Asn Asn Ser Ile Ile His Arg Asp Ile Lys  
 195 200 205

Ser Glu Asn Ile Phe Ile Asn His Pro Gly Asp Val Cys Val Gly Asp  
 210 215 220

Phe Gly Ala Ala Cys Phe Pro Val Asp Ile Asn Ala Asn Arg Tyr Tyr  
 225 230 235 240

Gly Trp Ala Gly Thr Ile Ala Thr Asn Ser Pro Glu Leu Leu Ala Arg  
 245 250 255

Asp Pro Tyr Gly Pro Ala Val Asp Ile Trp Ser Ala Gly Ile Val Leu  
 260 265 270

Phe Glu Met Ala Thr Gly Gln Asn Ser Leu Phe Glu Arg Asp Gly Leu

275

280

285

Asp Gly Asn Cys Asp Ser Glu Arg Gln Ile Lys Leu Ile Ile Arg Arg  
 290 295 300

Ser Gly Thr His Pro Asn Glu Phe Pro Ile Asn Pro Thr Ser Asn Leu  
 305 310 315 320

Arg Arg Gln Tyr Ile Gly Leu Ala Lys Arg Ser Ser Arg Lys Pro Gly  
 325 330 335

Ser Arg Pro Leu Trp Thr Asn Leu Tyr Glu Leu Pro Ile Asp Leu Glu  
 340 345 350

Tyr Leu Ile Cys Lys Met Leu Ser Phe Asp Ala Arg His Arg Pro Ser  
 355 360 365

Ala Glu Val Leu Leu Asn His Ser Val Phe Gln Thr Leu Pro Asp Pro  
 370 375 380

Tyr Pro Asn Pro Met Glu Val Gly Asp  
 385 390

&lt;210&gt; 40

&lt;211&gt; 354

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 40

Met Phe Leu Ile Gln Cys Leu Ile Ser Ala Val Ile Phe Tyr Ile Gln  
 1 5 10 15

Val Thr Asn Ala Leu Ile Phe Lys Gly Asp His Val Ser Leu Gln Val  
 20 25 30

Asn Ser Ser Leu Thr Ser Ile Leu Ile Pro Met Gln Asn Asp Asn Tyr  
 35 40 45

Thr Glu Ile Lys Gly Gln Leu Val Phe Ile Gly Glu Gln Leu Pro Thr  
 50 55 60

Gly Thr Asn Tyr Ser Gly Thr Leu Glu Leu Leu Tyr Ala Asp Thr Val  
 65 70 75 80

Ala Phe Cys Phe Arg Ser Val Gln Val Ile Arg Tyr Asp Gly Cys Pro  
 85 90 95

Arg Ile Arg Thr Ser Ala Phe Ile Ser Cys Arg Tyr Lys His Ser Trp  
 100 105 110

His Tyr Gly Asn Ser Thr Asp Arg Ile Ser Thr Glu Pro Asp Ala Gly  
 115 120 125

Val Met Leu Lys Ile Thr Lys Pro Gly Ile Asn Asp Ala Gly Val Tyr  
 130 135 140

Val Leu Leu Val Arg Leu Asp His Ser Arg Ser Thr Asp Gly Phe Ile  
 145 150 155 160

Leu Gly Val Asn Val Tyr Thr Ala Gly Ser His His Asn Ile His Gly  
 165 170 175

Val Ile Tyr Thr Ser Pro Ser Leu Gln Asn Gly Tyr Ser Thr Arg Ala  
 180 185 190

Leu Phe Gln Gln Ala Arg Leu Cys Asp Leu Pro Ala Thr Pro Lys Gly  
 195 200 205

Ser Gly Thr Ser Leu Phe Gln His Met Leu Asp Leu Arg Ala Gly Lys  
 210 215 220

Ser Leu Glu Asp Asn Pro Trp Leu His Glu Asp Val Val Thr Thr Glu  
 225 230 235 240

Thr Lys Ser Val Val Lys Glu Gly Ile Glu Asn His Val Tyr Pro Thr  
 245 250 255

Asp Met Ser Thr Leu Pro Glu Lys Ser Leu Asn Asp Pro Pro Glu Asn  
 260 265 270

Leu Leu Ile Ile Ile Pro Ile Val Ala Ser Val Met Ile Leu Thr Ala  
 275 280 285

Met Val Ile Val Ile Val Ile Ser Val Lys Arg Arg Arg Ile Lys Lys  
 290 295 300

His Pro Ile Tyr Arg Pro Asn Thr Lys Thr Arg Arg Gly Ile Gln Asn  
 305 310 315 320

Ala Thr Pro Glu Ser Asp Val Met Leu Glu Ala Ala Ile Ala Gln Leu  
 325 330 335

Ala Thr Ile Arg Glu Glu Ser Pro Pro His Ser Val Val Asn Pro Phe  
 340 345 350

Val Lys

<210> 41  
 <211> 623  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 41

Met Gly Thr Val Asn Lys Pro Val Val Gly Val Leu Met Gly Phe Gly  
 1 5 10 15

Ile Ile Thr Gly Thr Leu Arg Ile Thr Asn Pro Val Arg Ala Ser Val  
 20 25 30

Leu Arg Tyr Asp Asp Phe His Thr Asp Glu Asp Lys Leu Asp Thr Asn  
 35 40 45

Ser Val Tyr Glu Pro Tyr Tyr His Ser Asp His Ala Glu Ser Ser Trp

50

55

60

Val Asn Arg Gly Glu Ser Ser Arg Lys Ala Tyr Asp His Asn Ser Pro  
 65 70 75 80

Tyr Ile Trp Pro Arg Asn Asp Tyr Asp Gly Phe Leu Glu Asn Ala His  
 85 90 95

Glu His His Gly Val Tyr Asn Gln Gly Arg Gly Ile Asp Ser Gly Glu  
 100 105 110

Arg Leu Met Gln Pro Thr Gln Met Ser Ala Gln Glu Asp Leu Gly Asp  
 115 120 125

Asp Thr Gly Ile His Val Ile Pro Thr Leu Asn Gly Asp Asp Arg His  
 130 135 140

Lys Ile Val Asn Val Asp Gln Arg Gln Tyr Gly Asp Val Phe Lys Gly  
 145 150 155 160

Asp Leu Asn Pro Lys Pro Gln Gly Gln Arg Leu Ile Glu Val Ser Val  
 165 170 175

Glu Glu Asn His Pro Phe Thr Leu Arg Ala Pro Ile Gln Arg Ile Tyr  
 180 185 190

Gly Val Arg Tyr Thr Glu Thr Trp Ser Phe Leu Pro Ser Leu Thr Cys  
 195 200 205

Thr Gly Asp Ala Ala Pro Ala Ile Gln His Ile Cys Leu Lys His Thr  
 210 215 220

Thr Cys Phe Gln Asp Val Val Val Asp Val Asp Cys Ala Glu Asn Thr  
 225 230 235 240

Lys Glu Asp Gln Leu Ala Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln Gly Lys Lys  
 245 250 255

Glu Ala Asp Gln Pro Trp Ile Val Val Asn Thr Ser Thr Leu Phe Asp  
260 265 270

Glu Leu Glu Leu Asp Pro Pro Glu Ile Glu Pro Gly Val Leu Lys Val  
275 280 285

Leu Arg Thr Glu Lys Gln Tyr Leu Gly Val Tyr Ile Trp Asn Met Arg  
290 295 300

Gly Ser Asp Gly Thr Ser Thr Tyr Ala Thr Phe Leu Val Thr Trp Lys  
 305                   310                   315                   320

Gly Asp Glu Lys Thr Arg Asn Pro Thr Pro Ala Val Thr Pro Gln Pro  
                  325                 330                 335

Arg Gly Ala Glu Phe His Met Trp Asn Tyr His Ser His Val Phe Ser  
340 345 350

Val Gly Asp Thr Phe Ser Leu Ala Met His Leu Gln Tyr Lys Ile His  
 355                    360                    365

Glu Ala Pro Phe Asp Leu Leu Leu Glu Trp Leu Tyr Val Pro Ile Asp  
 370                    375                    380

Pro Thr Cys Gln Pro Met Arg Leu Tyr Ser Thr Cys Leu Tyr His Pro  
385 390 395 400

Asn Ala Pro Gln Cys Leu Ser His Met Asn Ser Gly Cys Thr Phe Thr  
405 410 415

Ser Pro His Leu Ala Gln Arg Val Ala Ser Thr Val Tyr Gln Asn Cys  
420 425 430

Glu His Ala Asp Asn Tyr Thr Ala Tyr Cys Leu Gly Ile Ser His Met  
435 440 445

Glu Pro Ser Phe Gly Leu Ile Leu His Asp Gly Gly Thr Thr Leu Lys

450

455

460

Phe Val Asp Thr Pro Glu Ser Leu Ser Gly Leu Tyr Val Phe Val Val  
 465 470 475 480

Tyr Phe Asn Gly His Val Glu Ala Val Ala Tyr Thr Val Val Ser Thr  
 485 490 495

Val Asp His Phe Val Asn Ala Ile Glu Glu Arg Gly Phe Pro Pro Thr  
 500 505 510

Ala Gly Gln Pro Pro Ala Thr Thr Lys Pro Lys Glu Ile Thr Pro Val  
 515 520 525

Asn Pro Gly Thr Ser Pro Leu Leu Arg Tyr Ala Ala Trp Thr Gly Gly  
 530 535 540

Leu Ala Ala Val Val Leu Leu Cys Leu Val Ile Phe Leu Ile Cys Thr  
 545 550 555 560

Ala Lys Arg Met Arg Val Lys Ala Tyr Arg Val Asp Lys Ser Pro Tyr  
 565 570 575

Asn Gln Ser Met Tyr Tyr Ala Gly Leu Pro Val Asp Asp Phe Glu Asp  
 580 585 590

Ser Glu Ser Thr Asp Thr Glu Glu Phe Gly Asn Ala Ile Gly Gly  
 595 600 605

Ser His Gly Gly Ser Ser Tyr Thr Val Tyr Ile Asp Lys Thr Arg  
 610 615 620

&lt;210&gt; 42

&lt;211&gt; 1310

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 42

Met Asp Thr Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser  
 1 5 10 15

Pro Asp Thr Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala  
 20 25 30

Ala Glu His Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu  
 35 40 45

Leu Phe Gly Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val  
 50 55 60

Ser Ile Pro Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr Glu Asp  
 65 70 75 80

Val Gly Glu Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu Asp Gly Gln  
 85 90 95

Asp Leu Met Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu Val Phe His Thr  
 100 105 110

Arg Phe Ser Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr Gly Ala Asp Arg Ser  
 115 120 125

Leu Glu Thr Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro  
 130 135 140

Pro Met Asn Asp Gly Glu Thr Gly Arg Gly Thr Thr Pro Pro Phe Pro  
 145 150 155 160

Gln Ala Phe Ser Pro Val Ser Pro Ala Ser Pro Val Gly Asp Ala Ala  
 165 170 175

Gly Asn Asp Gln Arg Glu Asp Gln Arg Ser Ile Pro Arg Gln Thr Thr  
 180 185 190

Arg Gly Asn Ser Pro Gly Leu Pro Ser Val Val His Arg Asp Arg Gln  
 195 200 205

Thr Gln Ser Ile Ser Gly Lys Lys Pro Gly Asp Glu Gln Ala Gly His  
210 215 220

Ala His Ala Ser Gly Asp Gly Val Val Leu Gln Lys Thr Gln Arg Pro  
225 230 235 240

Ala Gln Gly Lys Ser Pro Lys Lys Thr Leu Lys Val Lys Val Pro  
245 250 255

Leu Pro Ala Arg Lys Pro Gly Gly Pro Val Pro Gly Pro Val Glu Gln  
260 265 270

Leu Tyr His Val Leu Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Gly Ala Lys Ala  
275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Thr Asp Asp Thr Arg Pro Arg Lys His Asp Ala  
290 295 300

Arg Gly Ile Thr Pro Arg Val Pro Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Pro  
305 310 315 320

Arg Ala Phe Leu Ala Leu Pro Gly Arg Ser His Ala Pro Asp Pro Ile  
325 330 335

Glu Asp Asp Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser Arg Glu Phe Val  
340 345 350

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
355 360 365

Asp Asp Glu Pro Arg Arg Val Ser Val Gly Ser Glu Thr Thr Gly Ser  
370 375 380

Arg Ser Gly Arg Glu His Ala Pro Ser Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser  
385 390 395 400

Asp Ser Asn Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr  
 405 410 415

Arg Ser Ile Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu  
 420 425 430

Ala Gly Glu Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg  
 435 440 445

Ser Arg Thr Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro  
 450 455 460

Asp Gly Ser Pro Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val  
 465 470 475 480

Arg Phe Gly Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp Glu  
 485 490 495

Ala Val Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu Pro Val  
 500 505 510

Pro Leu Tyr Val Pro Glu Leu Gly Asp Pro Ala Arg Gln Tyr Arg Ala  
 515 520 525

Leu Ile Asn Leu Ile Tyr Cys Pro Asp Arg Asp Pro Ile Ala Trp Leu  
 530 535 540

Gln Asn Pro Lys Leu Thr Gly Val Asn Ser Ala Leu Asn Gln Phe Tyr  
 545 550 555 560

Gln Lys Leu Leu Pro Pro Gly Arg Ala Gly Thr Ala Val Thr Gly Ser  
 565 570 575

Val Ala Ser Pro Val Pro His Val Gly Glu Ala Met Ala Thr Gly Glu  
 580 585 590

Ala Leu Trp Ala Leu Pro His Ala Ala Ala Ala Val Ala Met Ser Arg  
 595 600 605

Arg Tyr Asp Arg Ala Gln Lys His Phe Ile Leu Gln Ser Leu Arg Arg  
610 615 620

Ala Phe Ala Ser Met Ala Tyr Pro Glu Ala Thr Gly Ser Ser Pro Ala  
625 630 635 640

Ala Arg Ile Ser Arg Gly His Pro Ser Pro Thr Thr Pro Ala Thr Gln  
645 650 655

Ala Pro Asp Pro Gln Pro Ser Ala Ala Ala Arg Ser Leu Ser Val Cys  
660 665 670

Pro Pro Asp Asp Arg Leu Arg Thr Pro Arg Lys Arg Lys Ser Gln Pro  
675 680 685

Val Glu Ser Arg Ser Leu Leu Asp Lys Ile Arg Glu Thr Pro Val Ala  
690 695 700

Asp Ala Arg Val Ala Asp Asp His Val Val Ser Lys Ala Lys Arg Arg  
705 710 715 720

Val Ser Glu Pro Val Thr Ile Thr Ser Gly Pro Val Val Asp Pro Pro  
725 730 735

Ala Val Ile Thr Met Pro Leu Asp Gly Pro Ala Pro Asn Gly Gly Phe  
740 745 750

Arg Arg Ile Pro Arg Gly Ala Leu His Thr Pro Val Pro Ser Asp Gln  
755 760 765

Ala Arg Lys Ala Tyr Cys Thr Pro Glu Thr Ile Ala Arg Leu Val Asp  
770 775 780

Asp Pro Leu Phe Pro Thr Ala Trp Arg Pro Ala Leu Ser Phe Asp Pro  
785 790 795 800

Gly Ala Leu Ala Glu Ile Ala Ala Arg Arg Pro Gly Gly Gly Asp Arg  
 805 810 815

Arg Phe Gly Pro Pro Ser Gly Val Glu Ala Leu Arg Arg Arg Cys Ala  
 820 825 830

Trp Met Arg Gln Ile Pro Asp Pro Glu Asp Val Arg Leu Leu Ile Ile  
 835 840 845

Tyr Asp Pro Leu Pro Gly Glu Asp Ile Asn Gly Pro Leu Glu Ser Thr  
 850 855 860

Leu Ala Thr Asp Pro Gly Pro Ser Trp Ser Pro Ser Arg Gly Gly Leu  
 865 870 875 880

Ser Val Val Leu Ala Ala Leu Ser Asn Arg Leu Cys Leu Pro Ser Thr  
 885 890 895

His Ala Trp Ala Gly Asn Trp Thr Gly Pro Pro Asp Val Ser Ala Leu  
 900 905 910

Asn Ala Arg Gly Val Leu Leu Leu Ser Thr Arg Asp Leu Ala Phe Ala  
 915 920 925

Gly Ala Val Glu Tyr Leu Gly Ser Arg Leu Ala Ser Ala Arg Arg Arg  
 930 935 940

Leu Leu Val Leu Asp Ala Val Ala Leu Glu Arg Trp Pro Arg Asp Gly  
 945 950 955 960

Pro Ala Leu Ser Gln Tyr His Val Tyr Val Arg Ala Pro Ala Arg Pro  
 965 970 975

Asp Ala Gln Ala Val Val Arg Trp Pro Asp Ser Ala Val Thr Glu Gly  
 980 985 990

Leu Ala Arg Ala Val Phe Ala Ser Ser Arg Thr Phe Gly Pro Ala Ser  
 995 1000 1005

Phe Ala Arg Ile Glu Thr Ala Phe Ala Asn Leu Tyr Pro Gly Glu  
 1010 1015 1020

Gln Pro Leu Cys Leu Cys Arg Gly Gly Asn Val Ala Tyr Thr Val  
 1025 1030 1035

Cys Thr Arg Ala Gly Pro Lys Thr Arg Val Pro Leu Ser Pro Arg  
 1040 1045 1050

Glu Tyr Arg Gln Tyr Val Leu Pro Gly Phe Asp Gly Cys Lys Asp  
 1055 1060 1065

Leu Ala Arg Gln Ser Arg Gly Leu Gly Leu Gly Ala Ala Asp Phe  
 1070 1075 1080

Val Asp Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn Arg Trp Gly  
 1085 1090 1095

Leu Gly Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu Gly Arg Arg  
 1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro Thr Trp Ala  
 1115 1120 1125

Arg Val Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp Pro Ala Ala  
 1130 1135 1140

Glu Pro Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser Val Ala Leu  
 1145 1150 1155

Tyr Ala Ser Ala Asp Glu Ala Arg Asn Ala Leu Pro Pro Ile Pro  
 1160 1165 1170

Arg Val Met Trp Pro Pro Gly Phe Gly Ala Ala Glu Thr Val Leu  
 1175 1180 1185

Glu Gly Ser Asp Gly Thr Arg Phe Val Phe Gly His His Gly Gly  
 1190 1195 1200

Ser Glu Arg Pro Ser Glu Thr Gln Ala Gly Arg Gln Arg Arg Thr  
 1205 1210 1215

Ala Asp Asp Arg Glu His Ala Leu Glu Leu Asp Asp Trp Glu Val  
 1220 1225 1230

Gly Cys Glu Asp Ala Trp Asp Ser Glu Glu Gly Gly Asp Asp  
 1235 1240 1245

Gly Asp Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Ile Val Ser Val  
 1250 1255 1260

Ala Pro Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Leu Arg Pro Ala  
 1265 1270 1275

Val Lys Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
 1280 1285 1290

Asp Asp Val Trp Gly Gly Arg Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser  
 1295 1300 1305

Arg Gly  
 1310

<210> 43  
 <211> 1002  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1002)

<400> 43  
 atg cat tta aag cct acc aga ttt ttc cac gca aac caa ccg cca atg 48  
 Met His Leu Lys Pro Thr Arg Phe Phe His Ala Asn Gln Pro Pro Met  
 1 5 10 15

ccg cat tca tac gag atg gag gac tta tgc ttc gac gac atg caa tat Pro His Ser Tyr Glu Met Glu Asp Leu Cys Phe Asp Asp Met Gln Tyr 20 25 30	96
cgc tgg tct ccc tcg aac aca ccc tat cga agt atg tct agg cga tat Arg Trp Ser Pro Ser Asn Thr Pro Tyr Arg Ser Met Ser Arg Arg Tyr 35 40 45	144
aaa tcc gta tct cgg agc ggg cct tcg atg cgt gta cgc tcc aga acg Lys Ser Val Ser Arg Ser Gly Pro Ser Met Arg Val Arg Ser Arg Thr 50 55 60	192
cca tgc cgc cgtcaa acc att cga gga aaa ctt atg tca aag gag cgg Pro Cys Arg Arg Gln Thr Ile Arg Gly Lys Leu Met Ser Lys Glu Arg 65 70 75 80	240
tct gtg tac cgc cat tat ttt aat tac atc gca agg tcc ccc cca gaa Ser Val Tyr Arg His Tyr Phe Asn Tyr Ile Ala Arg Ser Pro Pro Glu 85 90 95	288
gaa cta gct acc gtt aga ggc tta atc gtg cca att att aag acg acc Glu Leu Ala Thr Val Arg Gly Leu Ile Val Pro Ile Ile Lys Thr Thr 100 105 110	336
cct gtc acc ctt ccg ttt aac ttg ggt cag aca gtg gcg gat aac tgc Pro Val Thr Leu Pro Phe Asn Leu Gly Gln Thr Val Ala Asp Asn Cys 115 120 125	384
ctg tcg tta tcc gga atg ggt tat cat tta ggt ctc gga ggt tat tgt Leu Ser Leu Ser Gly Met Gly Tyr His Leu Gly Leu Gly Tyr Cys 130 135 140	432
ccg aca tgc act gca tct gga gaa ccg cgt cta tgt cga acc gat cgg Pro Thr Cys Thr Ala Ser Gly Glu Pro Arg Leu Cys Arg Thr Asp Arg 145 150 155 160	480
gcg gct ctg ata cta gca tat gtt cag cag ctt aac aac ata tac gaa Ala Ala Leu Ile Leu Ala Tyr Val Gln Gln Leu Asn Asn Ile Tyr Glu 165 170 175	528
tat cgt gtg ttt ctt gca tcc att ttg gcg cta tca gac cga gcc aac Tyr Arg Val Phe Leu Ala Ser Ile Leu Ala Leu Ser Asp Arg Ala Asn 180 185 190	576
atg caa gca gcg tcc gct gaa ccc cta ttg tcg agc gta ttg gca caa Met Gln Ala Ala Ser Ala Glu Pro Leu Leu Ser Ser Val Leu Ala Gln 195 200 205	624
ccg gaa tta ttt ttt atg tat cat att atg agg gag ggg ggc atg cga	672

Pro Glu Leu Phe Phe Met Tyr His Ile Met Arg Glu Gly Gly Met Arg			
210	215	220	
gat ata cgc gta ctt ttt tat cgt gat gga gat gcc gga ggg ttt atg			720
Asp Ile Arg Val Leu Phe Tyr Arg Asp Gly Asp Ala Gly Gly Phe Met			
225	230	235	240
atg tat gtt ata ttt ccg ggg aaa tct gtt cac ctc cat tac aga cta			768
Met Tyr Val Ile Phe Pro Gly Lys Ser Val His Leu His Tyr Arg Leu			
245	250	255	
atc gat cat ata cag gcc gcg tgt cggt ggg tat aaa ata gtc gca cac			816
Ile Asp His Ile Gln Ala Ala Cys Arg Gly Tyr Lys Ile Val Ala His			
260	265	270	
gtt tgg cag aca aca ttt tta ctg tcg gta tgt cgc aac cca gaa caa			864
Val Trp Gln Thr Thr Phe Leu Leu Ser Val Cys Arg Asn Pro Glu Gln			
275	280	285	
caa aca gag act gtg gtg cca tcc att gga aca tcg gac gtt tac tgt			912
Gln Thr Glu Thr Val Val Pro Ser Ile Gly Thr Ser Asp Val Tyr Cys			
290	295	300	
aaa atg tgt gac ctt aac ttt gat gga gaa ttg ctt ttg gaa tac aaa			960
Lys Met Cys Asp Leu Asn Phe Asp Gly Glu Leu Leu Glu Tyr Lys			
305	310	315	320
aga ctc tac gca tta ttt gat gac ttt gtt cct cct cgg tga			1002
Arg Leu Tyr Ala Leu Phe Asp Asp Phe Val Pro Pro Arg			
325	330		

<210> 44  
<211> 333  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster  
  
<400> 44

Met His Leu Lys Pro Thr Arg Phe Phe His Ala Asn Gln Pro Pro Met  
1 5 10 15

Pro His Ser Tyr Glu Met Glu Asp Leu Cys Phe Asp Asp Met Gln Tyr  
20 25 30

Arg Trp Ser Pro Ser Asn Thr Pro Tyr Arg Ser Met Ser Arg Arg Tyr  
35 40 45

Lys Ser Val Ser Arg Ser Gly Pro Ser Met Arg Val Arg Ser Arg Thr  
 50 55 60

Pro Cys Arg Arg Gln Thr Ile Arg Gly Lys Leu Met Ser Lys Glu Arg  
 65 70 75 80

Ser Val Tyr Arg His Tyr Phe Asn Tyr Ile Ala Arg Ser Pro Pro Glu  
 85 90 95

Glu Leu Ala Thr Val Arg Gly Leu Ile Val Pro Ile Ile Lys Thr Thr  
 100 105 110

Pro Val Thr Leu Pro Phe Asn Leu Gly Gln Thr Val Ala Asp Asn Cys  
 115 120 125

Leu Ser Leu Ser Gly Met Gly Tyr His Leu Gly Leu Gly Gly Tyr Cys  
 130 135 140

Pro Thr Cys Thr Ala Ser Gly Glu Pro Arg Leu Cys Arg Thr Asp Arg  
 145 150 155 160

Ala Ala Leu Ile Leu Ala Tyr Val Gln Gln Leu Asn Asn Ile Tyr Glu  
 165 170 175

Tyr Arg Val Phe Leu Ala Ser Ile Leu Ala Leu Ser Asp Arg Ala Asn  
 180 185 190

Met Gln Ala Ala Ser Ala Glu Pro Leu Leu Ser Ser Val Leu Ala Gln  
 195 200 205

Pro Glu Leu Phe Phe Met Tyr His Ile Met Arg Glu Gly Gly Met Arg  
 210 215 220

Asp Ile Arg Val Leu Phe Tyr Arg Asp Gly Asp Ala Gly Gly Phe Met  
 225 230 235 240

Met Tyr Val Ile Phe Pro Gly Lys Ser Val His Leu His Tyr Arg Leu

245

250

255

Ile Asp His Ile Gln Ala Ala Cys Arg Gly Tyr Lys Ile Val Ala His  
 260 265 270

Val Trp Gln Thr Thr Phe Leu Leu Ser Val Cys Arg Asn Pro Glu Gln  
 275 280 285

Gln Thr Glu Thr Val Val Pro Ser Ile Gly Thr Ser Asp Val Tyr Cys  
 290 295 300

Lys Met Cys Asp Leu Asn Phe Asp Gly Glu Leu Leu Leu Glu Tyr Lys  
 305 310 315 320

Arg Leu Tyr Ala Leu Phe Asp Asp Phe Val Pro Pro Arg  
 325 330

&lt;210&gt; 45

&lt;211&gt; 1533

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1533)

&lt;400&gt; 45

atg gat gct gac gac aca ccc ccc aac ctc caa ata tct cca act gca	48
Met Asp Ala Asp Asp Thr Pro Pro Asn Leu Gln Ile Ser Pro Thr Ala	
1 5 10 15	

gga cct ttg cgt tcc cac cac aat acc gac gga cat gaa cca aat gca	96
Gly Pro Leu Arg Ser His His Asn Thr Asp Gly His Glu Pro Asn Ala	
20 25 30	

acc gca gcc gat cag caa gaa cga gaa tcc acc aac ccc aca cac gga	144
Thr Ala Ala Asp Gln Gln Glu Arg Glu Ser Thr Asn Pro Thr His Gly	
35 40 45	

tgt gta aat cat cca tgg gcc aat ccg tca act gca aca tgc atg gaa	192
Cys Val Asn His Pro Trp Ala Asn Pro Ser Thr Ala Thr Cys Met Glu	
50 55 60	

tca cca gaa cga tca caa cag aca agc tta ttt tta aag cac ggc Ser Pro Glu Arg Ser Gln Gln Thr Ser Leu Phe Leu Leu Lys His Gly 65 70 75 80	240
tta acg aga gat cca ata cat caa cgc gaa agg gtg gac gtt ttt cca Leu Thr Arg Asp Pro Ile His Gln Arg Glu Arg Val Asp Val Phe Pro 85 90 95	288
caa ttt aac aaa ccc cca tgg gtt ttt aga att tcc aaa tta tcc cgt Gln Phe Asn Lys Pro Pro Trp Val Phe Arg Ile Ser Lys Leu Ser Arg 100 105 110	336
tta att gta ccc atc ttc acg ctc aat gaa cag tta tgt ttt tct aaa Leu Ile Val Pro Ile Phe Thr Leu Asn Glu Gln Leu Cys Phe Ser Lys 115 120 125	384
tta cag att cga gat aga ccc agg ttt gcg gga cgg gga acg tat ggg Leu Gln Ile Arg Asp Arg Pro Arg Phe Ala Gly Arg Gly Thr Tyr Gly 130 135 140	432
cgt gtt cat ata tac cca tcg tca aaa ata gct gta aaa acc atg gac Arg Val His Ile Tyr Pro Ser Ser Lys Ile Ala Val Lys Thr Met Asp 145 150 155 160	480
agt cgt gtt ttt aat aga gag tta att aac gcg att tta gcg agt gag Ser Arg Val Phe Asn Arg Glu Leu Ile Asn Ala Ile Leu Ala Ser Glu 165 170 175	528
ggg tct ata cga gca ggg gaa agg cta ggt att tct agc ata gtt tgc Gly Ser Ile Arg Ala Gly Glu Arg Leu Gly Ile Ser Ser Ile Val Cys 180 185 190	576
ctt tta ggt ttt tcg tta caa acc aaa cag cta ctg ttt ccg gca tac Leu Leu Gly Phe Ser Leu Gln Thr Lys Gln Leu Leu Phe Pro Ala Tyr 195 200 205	624
gac atg gat atg gat gaa tac att gtt cgc ctg tcc aga cgg ttg aca Asp Met Asp Met Asp Glu Tyr Ile Val Arg Leu Ser Arg Arg Leu Thr 210 215 220	672
ata cct gat cac ata gac aga aaa att gcc cat gta ttt tta gat ttg Ile Pro Asp His Ile Asp Arg Lys Ile Ala His Val Phe Leu Asp Leu 225 230 235 240	720
gct caa gcg ttg acg ttt tta aat cga acg tgc ggc ctg acc cac cta Ala Gln Ala Leu Thr Phe Leu Asn Arg Thr Cys Gly Leu Thr His Leu 245 250 255	768
gat gtg aaa tgt ggc aat att ttt ctt aac gtc gac aac ttt gcc tcg Asp Val Lys Cys Gly Asn Ile Phe Leu Asn Val Asp Asn Phe Ala Ser	816

260	265	270	
ttg gaa ata acc aca gca gta atc gga gac tat agc cta gta aca tta Leu Glu Ile Thr Thr Ala Val Ile Gly Asp Tyr Ser Leu Val Thr Leu 275	280	285	864
aat acg tat tcc ctt tgt act cga gcg ata ttt gaa gtt gga aat cca Asn Thr Tyr Ser Leu Cys Thr Arg Ala Ile Phe Glu Val Gly Asn Pro 290	295	300	912
tcc cac ccg gag cac gta cta cgc gta ccc cgg gat gca tcg cag atg Ser His Pro Glu His Val Leu Arg Val Pro Arg Asp Ala Ser Gln Met 305	310	315	960
tca ttt cgt ttg gtg ttg agt cat gga aca aac caa ccc cct gaa atc Ser Phe Arg Leu Val Leu Ser His Gly Thr Asn Gln Pro Pro Glu Ile 325	330	335	1008
ttg ctt gat tat att aat gga acg ggc ctt act aaa tat act gga acc Leu Leu Asp Tyr Ile Asn Gly Thr Gly Leu Thr Lys Tyr Thr Gly Thr 340	345	350	1056
ttg ccc caa aga gtt gga ctt gcg att gat ctt tat gca ttg ggc caa Leu Pro Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Leu Tyr Ala Leu Gly Gln 355	360	365	1104
gca ctc tta gaa gtt atc ctg cta gga cgt ctt ccc gga caa ctg ccc Ala Leu Leu Glu Val Ile Leu Leu Gly Arg Leu Pro Gly Gln Leu Pro 370	375	380	1152
att tca gta cat cgg acc ccg cat tat cac tac tac ggt cat aag tta Ile Ser Val His Arg Thr Pro His Tyr His Tyr Gly His Lys Leu 385	390	395	1200
tca cca gat ttg gcg ctt gat acg ctg gca tat cga tgt gtc ctg gcg Ser Pro Asp Leu Ala Leu Asp Thr Leu Ala Tyr Arg Cys Val Leu Ala 405	410	415	1248
cca tat ata ctc cca tct gac atc ccc ggg gac tta aat tat aat ccc Pro Tyr Ile Leu Pro Ser Asp Ile Pro Gly Asp Leu Asn Tyr Asn Pro 420	425	430	1296
ttt ata cac gcc gga gag ctg aac acc cgt att tcc cgg aat tct tta Phe Ile His Ala Gly Glu Leu Asn Thr Arg Ile Ser Arg Asn Ser Leu 435	440	445	1344
cgc cgg ata ttc cag tgt cac gca gtg cgt tac ggc gta acg cac tca Arg Arg Ile Phe Gln Cys His Ala Val Arg Tyr Gly Val Thr His Ser 450	455	460	1392

aag ctt ttc gaa ggc ata cgc att ccg gcc tca tta tac cca gcc act 1440  
 Lys Leu Phe Glu Gly Ile Arg Ile Pro Ala Ser Leu Tyr Pro Ala Thr  
 465 470 475 480

gtt gtt aca tcg ttg tgt cac gat aat tca gaa ata cgc tcg gat 1488  
 Val Val Thr Ser Leu Leu Cys His Asp Asn Ser Glu Ile Arg Ser Asp  
 485 490 495

cac cct tta tta tgg cac gat cggtt gat tgg ata gga tcg aca taa 1533  
 His Pro Leu Leu Trp His Asp Arg Asp Trp Ile Gly Ser Thr  
 500 505 510

<210> 46

<211> 510

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 46

Met Asp Ala Asp Asp Thr Pro Pro Asn Leu Gln Ile Ser Pro Thr Ala  
 1 5 10 15

Gly Pro Leu Arg Ser His His Asn Thr Asp Gly His Glu Pro Asn Ala  
 20 25 30

Thr Ala Ala Asp Gln Gln Glu Arg Glu Ser Thr Asn Pro Thr His Gly  
 35 40 45

Cys Val Asn His Pro Trp Ala Asn Pro Ser Thr Ala Thr Cys Met Glu  
 50 55 60

Ser Pro Glu Arg Ser Gln Gln Thr Ser Leu Phe Leu Leu Lys His Gly  
 65 70 75 80

Leu Thr Arg Asp Pro Ile His Gln Arg Glu Arg Val Asp Val Phe Pro  
 85 90 95

Gln Phe Asn Lys Pro Pro Trp Val Phe Arg Ile Ser Lys Leu Ser Arg  
 100 105 110

Leu Ile Val Pro Ile Phe Thr Leu Asn Glu Gln Leu Cys Phe Ser Lys  
 115 120 125

Leu Gln Ile Arg Asp Arg Pro Arg Phe Ala Gly Arg Gly Thr Tyr Gly  
 130                    135                    140

Arg Val His Ile Tyr Pro Ser Ser Lys Ile Ala Val Lys Thr Met Asp  
 145                    150                    155                    160

Ser Arg Val Phe Asn Arg Glu Leu Ile Asn Ala Ile Leu Ala Ser Glu  
 165                    170                    175

Gly Ser Ile Arg Ala Gly Glu Arg Leu Gly Ile Ser Ser Ile Val Cys  
 180                    185                    190

Leu Leu Gly Phe Ser Leu Gln Thr Lys Gln Leu Leu Phe Pro Ala Tyr  
 195                    200                    205

Asp Met Asp Met Asp Glu Tyr Ile Val Arg Leu Ser Arg Arg Leu Thr  
 210                    215                    220

Ile Pro Asp His Ile Asp Arg Lys Ile Ala His Val Phe Leu Asp Leu  
 225                    230                    235                    240

Ala Gln Ala Leu Thr Phe Leu Asn Arg Thr Cys Gly Leu Thr His Leu  
 245                    250                    255

Asp Val Lys Cys Gly Asn Ile Phe Leu Asn Val Asp Asn Phe Ala Ser  
 260                    265                    270

Leu Glu Ile Thr Thr Ala Val Ile Gly Asp Tyr Ser Leu Val Thr Leu  
 275                    280                    285

Asn Thr Tyr Ser Leu Cys Thr Arg Ala Ile Phe Glu Val Gly Asn Pro  
 290                    295                    300

Ser His Pro Glu His Val Leu Arg Val Pro Arg Asp Ala Ser Gln Met  
 305                    310                    315                    320

Ser Phe Arg Leu Val Leu Ser His Gly Thr Asn Gln Pro Pro Glu Ile  
 325                    330                    335

Leu Leu Asp Tyr Ile Asn Gly Thr Gly Leu Thr Lys Tyr Thr Gly Thr  
340 345 350

Leu Pro Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Leu Tyr Ala Leu Gly Gln  
355 360 365

Ala Leu Leu Glu Val Ile Leu Leu Gly Arg Leu Pro Gly Gln Leu Pro  
 370                    375                    380

Ile Ser Val His Arg Thr Pro His Tyr His Tyr Tyr Gly His Lys Leu  
385 390 395 400

Ser Pro Asp Leu Ala Leu Asp Thr Leu Ala Tyr Arg Cys Val Leu Ala  
405 410 415

Pro Tyr Ile Leu Pro Ser Asp Ile Pro Gly Asp Leu Asn Tyr Asn Pro  
420 425 430

Phe Ile His Ala Gly Glu Leu Asn Thr Arg Ile Ser Arg Asn Ser Leu  
435 440 445

Arg Arg Ile Phe Gln Cys His Ala Val Arg Tyr Gly Val Thr His Ser  
450 455 460

Lys Leu Phe Glu Gly Ile Arg Ile Pro Ala Ser Leu Tyr Pro Ala Thr  
465 470 475 480

Val Val Thr Ser Leu Leu Cys His Asp Asn Ser Glu Ile Arg Ser Asp  
485 490 495

His Pro Leu Leu Trp His Asp Arg Asp Trp Ile Gly Ser Thr  
500 505 510

<210> 47  
<211> 246

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(246)

&lt;400&gt; 47

atg gga caa tct tca tcc agc ggt cga gga gga atc tgt gga ttg tgc	48
Met Gly Gln Ser Ser Ser Gly Arg Gly Gly Ile Cys Gly Leu Cys	
1                   5                   10                   15	

aaa cgg tac aac gag ctt gtt acg tgc aac gga gaa acc gtt gct ttg	96
Lys Arg Tyr Asn Glu Leu Val Thr Cys Asn Gly Glu Thr Val Ala Leu	
20                   25                   30	

aac tca gag ttc ttt gaa gac ttt gac ttt gat gag aat gta aca gag	144
Asn Ser Glu Phe Phe Glu Asp Phe Asp Phe Asp Glu Asn Val Thr Glu	
35                   40                   45	

gac gcc gat aaa tcc aca caa cgc cgc cca cga gtg atc gat gta aca	192
Asp Ala Asp Lys Ser Thr Gln Arg Arg Pro Arg Val Ile Asp Val Thr	
50                   55                   60	

cca aaa cga aaa cct tcg gga aag agc tcc cat tcc aaa tgc gca aaa	240
Pro Lys Arg Lys Pro Ser Gly Lys Ser Ser His Ser Lys Cys Ala Lys	
65                   70                   75                   80	

tgt taa	246
Cys	

&lt;210&gt; 48

&lt;211&gt; 81

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 48

Met Gly Gln Ser Ser Ser Gly Arg Gly Gly Ile Cys Gly Leu Cys	
1                   5                   10                   15	

Lys Arg Tyr Asn Glu Leu Val Thr Cys Asn Gly Glu Thr Val Ala Leu	
20                   25                   30	

Asn Ser Glu Phe Phe Glu Asp Phe Asp Phe Asp Glu Asn Val Thr Glu

出証特2005-3035385

35

40

45

Asp Ala Asp Lys Ser Thr Gln Arg Arg Pro Arg Val Ile Asp Val Thr  
 50 55 60

Pro Lys Arg Lys Pro Ser Gly Lys Ser Ser His Ser Lys Cys Ala Lys  
 65 70 75 80

Cys

&lt;210&gt; 49

&lt;211&gt; 735

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(735)

&lt;400&gt; 49

atg aaa aat ccg cag aaa tta gcg atc aca ttc ttg ccg ctc tac gtg 48  
 Met Lys Asn Pro Gln Lys Leu Ala Ile Thr Phe Leu Pro Leu Tyr Val  
 1 5 10 15

atc cca acg tac acg ttg tgt att aaa gca ttg tat aaa aac acg cat 96  
 Ile Pro Thr Tyr Thr Leu Cys Ile Lys Ala Leu Tyr Lys Asn Thr His  
 20 25 30

gcg ggc ttg ctg ttc tca ttt cta ggt ttt gtc tta aat aca ccc gcc 144  
 Ala Gly Leu Leu Phe Ser Phe Leu Gly Phe Val Leu Asn Thr Pro Ala  
 35 40 45

atg agc atc tct gga ccc cca acg acg ttt att tta tat agg tta cat 192  
 Met Ser Ile Ser Gly Pro Pro Thr Thr Phe Ile Leu Tyr Arg Leu His  
 50 55 60

ggg gtt agg cgg gtt ctt cac tgg act tta ccg gat cat gaa caa aca 240  
 Gly Val Arg Arg Val Leu His Trp Thr Leu Pro Asp His Glu Gln Thr  
 65 70 75 80

ctc tac gca ttt acg ggt ggg tca aga tca atg gcg gtg aag acg gac 288  
 Leu Tyr Ala Phe Thr Gly Gly Ser Arg Ser Met Ala Val Lys Thr Asp  
 85 90 95

gct cga tgt gat aca atg agc ggt ggt atg atc gtc ctt caa cac acc Ala Arg Cys Asp Thr Met Ser Gly Gly Met Ile Val Leu Gln His Thr 100 105 110	336
cat aca gtg acc ctg cta acc ata gac tgt tct act gac ttt tca tca His Thr Val Thr Leu Leu Thr Ile Asp Cys Ser Thr Asp Phe Ser Ser 115 120 125	384
tac gca ttt acg cac cgg gat ttc cac tta cag gac aaa ccc cac gca Tyr Ala Phe Thr His Arg Asp Phe His Leu Gln Asp Lys Pro His Ala 130 135 140	432
aca ttt gcg atg ccg ttt atg tcc tgg gtc ggt tct gac cca aca tct Thr Phe Ala Met Pro Phe Met Ser Trp Val Gly Ser Asp Pro Thr Ser 145 150 155 160	480
cag ctg tac agt aat gtg ggg ggg gta cta tcc gta ata acg gaa gat Gln Leu Tyr Ser Asn Val Gly Gly Val Leu Ser Val Ile Thr Glu Asp 165 170 175	528
gac cta tcc atg tgt atc tca att gtt ata tac ggt tta cggt gta aac Asp Leu Ser Met Cys Ile Ser Ile Val Ile Tyr Gly Leu Arg Val Asn 180 185 190	576
aga cct gac gat cag acc aca cca aca cca acc ccg cac cag tat aca Arg Pro Asp Asp Gln Thr Thr Pro Thr Pro His Gln Tyr Thr 195 200 205	624
tcg caa agg ccg cag cct gaa acc aac tgt cct tct tca cca caa ccg Ser Gln Arg Arg Gln Pro Glu Thr Asn Cys Pro Ser Ser Pro Gln Pro 210 215 220	672
gcc ttt ttc aca tca gac gac gtt ctt tcg tta ata tta cggt gac Ala Phe Phe Thr Ser Asp Asp Asp Val Leu Ser Leu Ile Leu Arg Asp 225 230 235 240	720
gcc gca aac gcg taa Ala Ala Asn Ala	735

<210> 50  
<211> 244  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 50

Met Lys Asn Pro Gln Lys Leu Ala Ile Thr Phe Leu Pro Leu Tyr Val  
1 5 10 15

Ile Pro Thr Tyr Thr Leu Cys Ile Lys Ala Leu Tyr Lys Asn Thr His  
 20                            25                            30

Ala Gly Leu Leu Phe Ser Phe Leu Gly Phe Val Leu Asn Thr Pro Ala  
 35                            40                            45

Met Ser Ile Ser Gly Pro Pro Thr Thr Phe Ile Leu Tyr Arg Leu His  
 50                            55                            60

Gly Val Arg Arg Val Leu His Trp Thr Leu Pro Asp His Glu Gln Thr  
 65                            70                            75                            80

Leu Tyr Ala Phe Thr Gly Gly Ser Arg Ser Met Ala Val Lys Thr Asp  
 85                            90                            95

Ala Arg Cys Asp Thr Met Ser Gly Gly Met Ile Val Leu Gln His Thr  
 100                            105                            110

His Thr Val Thr Leu Leu Thr Ile Asp Cys Ser Thr Asp Phe Ser Ser  
 115                            120                            125

Tyr Ala Phe Thr His Arg Asp Phe His Leu Gln Asp Lys Pro His Ala  
 130                            135                            140

Thr Phe Ala Met Pro Phe Met Ser Trp Val Gly Ser Asp Pro Thr Ser  
 145                            150                            155                            160

Gln Leu Tyr Ser Asn Val Gly Gly Val Leu Ser Val Ile Thr Glu Asp  
 165                            170                            175

Asp Leu Ser Met Cys Ile Ser Ile Val Ile Tyr Gly Leu Arg Val Asn  
 180                            185                            190

Arg Pro Asp Asp Gln Thr Thr Pro Thr Pro His Gln Tyr Thr  
 195                            200                            205

Ser Gln Arg Arg Gln Pro Glu Thr Asn Cys Pro Ser Ser Pro Gln Pro  
210 215 220

Ala Phe Phe Thr Ser Asp Asp Val Leu Ser Leu Ile Leu Arg Asp  
225 230 235 240

Ala Ala Asn Ala

<210> 51  
<211> 124884  
<212> DNA  
<213> Varicella zoster

<220>  
<221> CDS  
<222> (5569)..(6405)

<220>  
<221> CDS  
<222> (6553)..(7095)

<220>  
<221> CDS  
<222> (12245)..(12553)

<220>  
<221> CDS  
<222> (15752)..(19684)

<220>  
<221> CDS  
<222> (20400)..(21803)

<220>  
<221> CDS  
<222> (23666)..(24583)

<220>  
<221> CDS  
<222> (25259)..(25474)

<220>  
<221> CDS  
<222> (31035)..(32030)

<220>  
<221> CDS  
<222> (54592)..(56217)

<220>  
<221> CDS  
<222> (60132)..(60908)

<220>  
<221> CDS  
<222> (60975)..(62714)

<220>  
<221> CDS  
<222> (62747)..(64564)

<220>  
<221> CDS  
<222> (74249)..(77833)

<220>  
<221> CDS  
<222> (80267)..(80737)

<220>  
<221> CDS  
<222> (80864)..(81673)

<220>  
<221> CDS  
<222> (81747)..(82454)

<220>  
<221> CDS  
<222> (94410)..(95861)

<220>  
<221> CDS  
<222> (96040)..(98367)

<220>  
<221> CDS  
<222> (98392)..(99312)

<220>  
<221> CDS  
<222> (101091)..(102317)

<220>  
<221> CDS

<222> (102407)..(103627)

<220>

<221> CDS

<222> (103772)..(105454)

<220>

<221> CDS

<222> (114218)..(115408)

<220>

<221> CDS

<222> (116308)..(119559)

<220>

<221> CDS

<222> (119611)..(120633)

<220>

<221> CDS

<222> (120744)..(122102)

<220>

<221> CDS

<222> (122438)..(122977)

<220>

<221> CDS

<222> (123970)..(124296)

<400> 51

cctctccgg ggtccgcccgg gcgcaggaa accgggggggg ggttattttc ggggggggggt 60

ccgaccagcc cgcccgtcgc ccgcggcac agacagacag acacttttt cataaaaacc 120

gttccgcttt tattaacaac aaacagtccg cgcgcaggat ggcgtcacga gaaaaggagg 180

ggactccgtc acccccgact ctgcgggggg ctccctcccc cgcgcctcc ccacacatcg 240

tcctcgtcct cggaggacga ggacgaggac aacagctcca cttgaccgc cggcgcaaa 300

cccacccggc ggtctcgtag cacacccggg gccaccgaca cgatgctcac cccaaaggat 360

gaccgggtg cgtccccgtc gtcccccggcc ccctcctcgc tgtcccacgc gtttcacac 420

cccacccccc aatcgtagtccag ctccaaagcg tggctctgt cgtctcggt ggcgcgtgt 480

cgcccccgtt gggttctga cggccgttcc gagccccgt ggtgtccgaa cacgaaccgt 540

gttccgtcgc tccctccaa caccgtctcc gcggcccaa aaccggcgg ccacattact 600

ctgggaatcg gggggagggc attccgagcc tcgtccgccc acgcatacag cgccaccgac 660  
 cgaccggcca cgggtggaag cacgagtggt tctgcggcag ggtcggttc cagcagggcg 720  
 tggcggcaaa acaccctcgc ccaggtgggt acgtcgccgg cctccggccc ggcggcccc 780  
 ggtctccgtc cctcggaag gaagacgggt cgaagcgccg caccaggcc ccatcggtt 840  
 gctgcgcggt ggctatgtgc cgcctcggtcc acaaagtggc ctgccccgag ccccagaccc 900  
 cgagactgtc gcgcgagggtc cttgcaaccg tcaaaaacccg gcagcacgta ctgccggtat 960  
 tcacggggcg acagggggac gcgggtcttg gggcccgccg ggtacacac ggtgtatgct 1020  
 acgttcccac cgccgcacaa acacaggggt tggtcgcccg ggtacaggtt ggcaaacgca 1080  
 gtctcgatac gagcaaaact cgctggccca aaggtgcgcg acgatgcaaa cacggcccg 1140  
 gcgagtcctt ctgtgaccgc cgagtctggc catcgacga cggcctggc gtccggcgc 1200  
 gccggggccc ggacgtacac gtgatactga gacaaagcgg gtccatccct gggccaccc 1260  
 tcgagggcca ccgcgtccaa caccagcaac cggcgccggg cagaggccaa ccgcgagcc 1320  
 agataactcga cggcccccggc aaaggccagg tctcggtcg acagtaataa aacgccccgg 1380  
 gcgttcaaag cggacacgtc cggcggcccg gtccagttcc cggccaggc atgagtgtc 1440  
 ggcaggcaca accggttact cagggctgcc aggaccacag acagttcccc tcggatgga 1500  
 ctccatgacg gtcccgatc tgtcgcgagg gtgtctcgat gggggccgtt gatgtcctct 1560  
 ccggcaacg gatcgtagat gatcagaagc ctcacatcct cgggtctgg gatctgcgc 1620  
 atccaggcgc acctccgtcg cagcgctcc actccgctgg gtggaccaaa ccgtcggtct 1680  
 cctccgcccc gacgccgagc ggcgattcc gccaaggcgc cggatcaaa gcttagcgca 1740  
 gggcgccagg ccgtggaaa caatgggtcg tcgaccagac gggcgatggt ttggggta 1800  
 cagtagcct tgcgagcctg gtccgacggg accgggtat gcagggcccc ccgggaaata 1860  
 cggcaaatc ccccgttgg ggccggtccg tcaagtggca tcgttattac ggccggggga 1920  
 tccaccacag ggcccgaggt gatggtcacg ggctcgata cccgcctctt ggccttgaa 1980  
 accacatgat cgtctgcaac cggcggtcc ggcacgggtg tctccctaattt cttgtcgagg 2040  
 aggcttctgc tctcgactgg ctgggacttg cgcttgcgcg gagttcgtaa acgatcatcc 2100

ggtggacaca cagaaagaga gcgtgcggcg gccgacggct gagggtcggg agcctgtgt 2160  
 gccggggtt ttggagaagg gtgaccgcgg gagatccgcg ccgccggact ggagcccgtt 2220  
 gcctcgggt atgccatgct ggcaaaggct ctgcggagac tctgttaggat aaagtgttt 2280  
 tgggccccgt cgtatcgacg gctcatagcc acggccgcgg ccgcgtgggg gagagccca 2340  
 agggcctccc ccgtggccat ggcttcgcct acatgcggaa cggagacgc tacgctcccc 2400  
 gtaacggcg taccgcggc tcccggtggc aacagcttt ggtagaactg gttcagggcc 2460  
 gagttgacac cggtcagctt ggggtctgg agccatgcta taggtctct gtctggacag 2520  
 tagatcaggt taatcagcgc gcggtaactgt ctgcggat ctcccaactc cggcacgtaa 2580  
 agcggcacgg gttccgttga ggcctcgtaa cgagccgcg ccgccttcac agcctcatcc 2640  
 tcccaagtgc cctctcttgtt ctcccccggac ggtccaaacc gcaccctgtt ggatgggagg 2700  
 ggtgccgatc cgggccaagg gcttcgtcg ggcattcatga gcggcccccga caccggggga 2760  
 attatcgaaa ttctggatcg cggcaggaa aatgattct gtctctggcg ccccggttcc 2820  
 cccgcaagac gtttgttctt acgaatcctc ggatcgggac cgctgatgga tcgatatccc 2880  
 ggttgatat tttttcgat cgaccacca tcatttgagt ccgaatcatc cgaatttgc 2940  
 ggggaagggg cgtgtcgcg tccggacctg ctgcctgttag tttcacttcc caccgaaacg 3000  
 cggccgggtt catcgtcttc atcctccgat gacgatcccc acgacgagga agaggatgaa 3060  
 gacgaaacaa actcacgact ctttggctt ttctccactg ggctgtcatc ctcaatcg 3120  
 tctgggtcgat gggatcttcc cggcaggccc aaaaacgctc taggtttgcc ccccgacgaa 3180  
 cgtccaggaa cgcgagggtgt tatacccccgg gcatcatgtt tccttggcg ggtatcatcg 3240  
 gtctcaaacg gcaggtccgc ctttggcccc tttagcggaa cgctgtccga aaggacgtgg 3300  
 tacaattgct caaccggcc gggtaacagg ccaccgggtt tccgcgcgg gagtggacc 3360  
 ttaaccttca aagtctttt cttcggctc ttccctgag cggccgtt agtttctgg 3420  
 agaactactc cgtccccga tgcatgcgc tgacccgctt gctcatgcgc cggctttta 3480  
 cccgagatgg actgagtttgc tctgtctcgat tggaccaccc acggcaaacc tggtaattt 3540  
 cctctcgatcg tttgtcgaaa tatagaccgc tggcttccc gttgatcgatcc cccggcgccg 3600

tctccaaacag gagacgcggg ggatacaggg gagaaggcct gcgggaacgg aggggtcgta 3660  
cctctgcccc tttccccatc gttcatcggt ggtttggag acctagcaag cttcggttccg 3720  
agagagactg tctcaaggga gcgatcggt cctgttggtt ctcgcgcgcc ggcctccgag 3780  
aatcggttgt ggaagacctc ggccagcggg attacaggcg agcccattag atcctgaccg 3840  
tcctcgata cgtagtcgtc ttgtgttagc tcttcgcca catcttcgt tctgggttct 3900  
ggttgaagtc ccgatacgga ggaaattgaa acgatctcgt gttcccggttcc caccatgacc 3960  
ccgttctctc caaatagtag atcgtcaggc tgactcgagg tgaccacccg ggccctgtgt 4020  
tcggcggccg ccgcggccgc gtccaacagg tccattaact ccaaagtatc aggcgacc 4080  
gcgcgttggg gtgttagagcg ctgcattcggt ggcgttatcca tcgcacttggg gtgaatttag 4140  
acgtacccga gtttccaaa cgctctcgca gccttcaaag gattgcgatt gcgggttgggt 4200  
agggagttcc aacagtactt aaaacgtgtt gtgcacccccc ctcgaccgca tatttcctcc 4260  
ccgtgtcgta accgtgtaaa tattcttaat gataagacga tgttagtgatt ggacgagact 4320  
cgaggcggga agttcatgga ccatagtatg cgtttaagga gagaccgctg gttggcgatg 4380  
tacgccccgt gtctatttcc gcataacctt caacatcata acaaggata ccagacatgt 4440  
gaatttcatt tacatatgtt taaataacaa ccaatcatcg tgtgtctaca gacgatata 4500  
aatatacata aacacaattg gggtgtctc acatgcaaaa catcttatata 4560  
gtttccaccc atccggcatc tagttatca aatgcacgtc gacgggtgtt ttgggtccct 4620  
ctccgtcgta attacgttgc cgcaatcaac aagcgtatac accaccaccc ctcccaacga 4680  
ttatgtcagg cggcacgaag cccgcgataa cccataaaaat acacacgggg ttgtgggtt 4740  
cacgtAACCC cccgcgcgtg gggagggggc gcggtacccc gccgatgggg agggggcg 4800  
gtaccccgcc gatggggagg gggcgccgtt cccgcgcgtt ggggaggggg cgccgtaccc 4860  
cgccgatggg gagggggcgc ggtacccgc cgatgtttat aaccataatt ctctaaaccg 4920  
ttgttagaaaa tcacaaaaaaaa atttattcaa aaacaagtgc aagaacttca tatctgaggc 4980  
atgtaaaccc gttcgactt cctgggttgg aatgggttgg ggtggggggg tgaaaaagg 5040  
gggggggttaa attggcggtc cgcatgtctg tgggtgtacgc caatcggtata cactcttt 5100

atctgcattc gcacttcccg tttttcaact gtatgggtt tcatttttg gcatgtgtcc	5160
aaccaccgtt cgcaacttct ttctatatat atatatatat atatagagaa	5220
agagagagag tttcttgttc gcgcgtgttc ccgcgatgtc gcgggtttat ggggtgtggg	5280
cgggctttc acagaatata tatattccaa atggagcgcc aggctttta aaatcgattt	5340
gacgtgataa aaaaaaacac acggggcccc cccctttt tggtgttata aaggcaaccc	5400
aatcgaaggt ctcccgc(cc) ggaatcccc attgccattt tacccaagta gccttattca	5460
tagatgtaaa cgtttgggtg tgtgtttgt tgtgcagggt tcgtccgatt cataacgcga	5520
cagcgtcgag tcggtttaa gggaaaaggt tactacggcc ccaaggac atg ttt tgc Met Phe Cys 1	5577
acc tca ccg gct acg cgg ggc gac tcg tcc gag tca aaa ccc ggg gca Thr Ser Pro Ala Thr Arg Gly Asp Ser Ser Glu Ser Lys Pro Gly Ala 5 10 15	5625
tcg gtt gat gtt aac gga aag atg gaa tat gga tct gca cca gga ccc Ser Val Asp Val Asn Gly Lys Met Glu Tyr Gly Ser Ala Pro Gly Pro 20 25 30 35	5673
ctg aac ggc cgg gat acg tcg cgg ggc ccc ggc gcg ttt tgt act ccg Leu Asn Gly Arg Asp Thr Ser Arg Gly Pro Gly Ala Phe Cys Thr Pro 40 45 50	5721
ggt tgg gag atc cac ccg gcc agg ctc gtt gag gac atc aac cgt gtt Gly Trp Glu Ile His Pro Ala Arg Leu Val Glu Asp Ile Asn Arg Val 55 60 65	5769
ttt tta tgt att gca cag tcg tcg gga cgc gtc acg cga gat tca cga Phe Leu Cys Ile Ala Gln Ser Ser Gly Arg Val Thr Arg Asp Ser Arg 70 75 80	5817
aga ttg cgg cgc ata tgc ctc gac ttt tat cta atg ggt cgc acc aga Arg Leu Arg Arg Ile Cys Leu Asp Phe Tyr Leu Met Gly Arg Thr Arg 85 90 95	5865
cag cgt ccc acg tta gcg tgc tgg gag gaa ttg tta cag ctt caa ccc Gln Arg Pro Thr Leu Ala Cys Trp Glu Glu Leu Leu Gln Leu Gln Pro 100 105 110 115	5913
acc cag acg cag tgc tta cgc gct act tta atg gaa gtg tcc cat cga Thr Gln Thr Gln Cys Leu Arg Ala Thr Leu Met Glu Val Ser His Arg 120 125 130	5961

ccc cct cg <sup>g</sup> ggg gaa gac ggg ttc att gag gcg cc <sup>g</sup> aat gtt cct tt <sup>g</sup>	135	140	145	6009
Pro Pro Arg Gly Glu Asp Gly Phe Ile Glu Ala Pro Asn Val Pro Leu				
cat agg agc gca ctg gaa tgt gac gta tct gat gat ggt ggt gaa gac	150	155	160	6057
His Arg Ser Ala Leu Glu Cys Asp Val Ser Asp Asp Gly Gly Glu Asp				
gat agc gac gat gat ggg tct acg cca tcg gat gta att gaa ttt cg <sup>g</sup>	165	170	175	6105
Asp Ser Asp Asp Asp Gly Ser Thr Pro Ser Asp Val Ile Glu Phe Arg				
gat tcc gac gc <sup>g</sup> gaa tca tcg gac ggg gaa gac ttt ata gt <sup>g</sup> gaa gaa	180	185	190	6153
Asp Ser Asp Ala Glu Ser Ser Asp Gly Glu Asp Phe Ile Val Glu Glu				
gaa tca gag gag agc acc gat tct tgt gaa cca gac ggg gta ccc ggc	200	205	210	6201
Glu Ser Glu Glu Ser Thr Asp Ser Cys Glu Pro Asp Gly Val Pro Gly				
gat tgt tat cga gac ggg gat ggg tgc aac acc cc <sup>g</sup> tcc cca aag aga	215	220	225	6249
Asp Cys Tyr Arg Asp Gly Asp Gly Cys Asn Thr Pro Ser Pro Lys Arg				
ccc cag cgt gcc atc gag cga tac gc <sup>g</sup> ggt gca gaa acc gc <sup>g</sup> gaa tat	230	235	240	6297
Pro Gln Arg Ala Ile Glu Arg Tyr Ala Gly Ala Glu Thr Ala Glu Tyr				
aca gcc gc <sup>g</sup> aaa gc <sup>g</sup> ctc acc gc <sup>g</sup> tt <sup>g</sup> ggc gag ggg ggt gta gat tgg	245	250	255	6345
Thr Ala Ala Lys Ala Leu Thr Ala Leu Gly Glu Gly Val Asp Trp				
aag cga cgt cga cac gaa gc <sup>g</sup> cc <sup>g</sup> cgc cgg cat gat ata cc <sup>g</sup> ccc ccc	260	265	270	6393
Lys Arg Arg Arg His Glu Ala Pro Arg Arg His Asp Ile Pro Pro Pro				
cat ggc gt <sup>g</sup> tag tcttataaa taaatacaat gg <sup>t</sup> ttggctc gtgtctttt	285	290	295	6445
His Gly Val				
ttgatgtctg tctgtgggg agtgggtgt tggatatt agaggtaga gggtgctgg				6505
ttgaacgtct ccattaaccc acgggtccc cacacgggcc gtgtggt atg aat ctc				6561
Met Asn Leu	280			
tgc gga tcc cgc ggt gag cac cc <sup>g</sup> ggc ggt gaa tat gcc gga ctt tac	285	290	295	6609
Cys Gly Ser Arg Gly Glu His Pro Gly Gly Glu Tyr Ala Gly Leu Tyr				

tgc aca cga cac gat acc ccc gcg cac cag gct ctc atg aac gac gcc Cys Thr Arg His Asp Thr Pro Ala His Gln Ala Leu Met Asn Asp Ala 300 305 310	6657
gaa cggtac ttc gcc gcc gct tgc gcc ata tct acc gag gcc tac Glu Arg Tyr Phe Ala Ala Leu Cys Ala Ile Ser Thr Glu Ala Tyr 315 320 325	6705
gag gct ttt ata cac agc ccc tcc gag aga ccg tgc gcg agt ttg tgg Glu Ala Phe Ile His Ser Pro Ser Glu Arg Pro Cys Ala Ser Leu Trp 330 335 340 345	6753
ggg agg gca aag gac gcc ttc gga cggtatc ggg gag ctc gca gcg Gly Arg Ala Lys Asp Ala Phe Gly Arg Met Cys Gly Glu Leu Ala Ala 350 355 360	6801
gat aga caa cgt cca ccc tcg gtt ccgtatc atc cgc aga gcg gtg tta Asp Arg Gln Arg Pro Pro Ser Val Pro Pro Ile Arg Arg Ala Val Leu 365 370 375	6849
tcg tta tta cgc gag caa tgc atg ccgtatc gat cca caa tcg cat ctg gag Ser Leu Leu Arg Glu Gln Cys Met Pro Asp Pro Gln Ser His Leu Glu 380 385 390	6897
ctc agc gag cggtatc ata ttg atg gca tat tgg tgc tgt ttg gga cac Leu Ser Glu Arg Leu Ile Leu Met Ala Tyr Trp Cys Cys Leu Gly His 395 400 405	6945
gcc gga ctt ccgtatc act att gga ttg tcg ccc gat aat aaa tgc atc cgc Ala Gly Leu Pro Thr Ile Gly Leu Ser Pro Asp Asn Lys Cys Ile Arg 410 415 420 425	6993
gcc gaa tta tat gac cgc ccc ggg gga att tgt cac agg ctt ttg gac Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Pro Gly Gly Ile Cys His Arg Leu Phe Asp 430 435 440	7041
gcg tac ctg ggc tgc ggg tcc ctt gga gtc cca aga acc tac gag aga Ala Tyr Leu Gly Cys Gly Ser Leu Gly Val Pro Arg Thr Tyr Glu Arg 445 450 455	7089
tcc tga cacccatcc ctatataaaaaaaa taaatttaaa acatacaccg Ser	7145
gataaaagcg tactgtttt tatattaaatt tacacgctcg gcgttgcccc gggtcggtga	7205
tcaccgggtc ttatctatat acaccgtgtactcgaaccc ccgtgactcc ctccaatcgc	7265
gttacccaaac tcttcttccg tatccgtaga ttccgagtcc tcgaaatcgt ccactggaag	7325

gccagcgtaa tacatgcttt ggttatacgg ggacttgtct accctatagg cttaaccct 7385  
 cattcggtta gccgtacaga taaaaaat tacgagacat aaaagtacta ctgctgcaag 7445  
 ccctccggtc catgcggcat atcgtagaag tggtgacgtt ccggggtta cggggtaat 7505  
 ttccttgggt ttagtagtcg ccggtggtc accggccgtt ggcggaaatc cacgctttc 7565  
 aattgcgtt aaaaaatgat ctactgtgga tacaacagtg tatgctacgg cttcaacatg 7625  
 cccgttaaaa tacaccacaa aaacgtataa tcccgacaaa ctctcgggtg tatctacaaa 7685  
 cttaacgtg gtccccccgt cgtgtaaat tagaccaaag ctaggctcca tatgagat 7745  
 tcccagacaa tatgcggtgt agttatctgc atgtcacaa ttttgataca ctgtgcttgc 7805  
 aacacgctgg gctaaatgtg gcgaggtaaa tgtacaaccg gaattcatat gagagaggca 7865  
 ttgggtgctt ttggatgtat acaaacacgt agaatataac cgcatggtt gacatgtagg 7925  
 atcgatgggg acatacaacc actctaaccag caaatcaaattt ggcgcttcat gtatcttata 7985  
 ctgaagatgc attgccaagc taaacgtatc accaactgaa aatacatgctt agtggtaatt 8045  
 ccacatatga aactcagccc ctcttggttt aggagttact gcggcgttag gtttcttgc 8105  
 ttttcatcc ctttccagg tgacaaaaa cgtggcgttag gtagacgtac catcgagcc 8165  
 ggcgttca caaatgtaca caccaagta ttgtttctt gtccgaagta cttaagac 8225  
 acccggttca atctcgaaaa ggtctaattt gagttcatca aacagtgtgc tcgtgtttac 8285  
 aacaatccac ggttggtccg cttccttctt acctgaaaaa cgtaactga ttccggccaa 8345  
 ctgatcctct ttagtatttt ccgcgaatc cacatccacc accacgtttt gaaagcatgt 8405  
 tgtatgtttt aaacatataat gctggatggc gggcgctgctt tctccgtac aggttaatga 8465  
 cgcaaaaaag ctccaaatctt cgggttaccg gactccataa atccgctgaa tcggtgccg 8525  
 taaagtaaac ggggttatttt cttccactga caccatcaatg agtcttggc cttgggttt 8585  
 tggattaaga tctcccttaa acacgtcacc gtattgacgt tggtccacat ttacaatttt 8645  
 atgtctgtca tcggcggtta acgttagggat aacgtggatg cccgtatcgt ccccaagatc 8705  
 ctccgtgca gacatttggt tgggttgcataaccgttcc cgcgtatcga taccacggcc 8765  
 ctgattatac accccatggt gttcgtgtgc gttctctaaa aatccatcat aatcattacg 8825

tggccatata taaggtgagt tatgatcgta cgctttcgc gaagactctc cccgattac 8885  
 ccatgaagac tccgcatgat ctgaatggta gtaaggctca tatacggagt ttgtatccag 8945  
 tttgtttca tcggtgtgaa aatcatcgta tcgcaagacg gatgctctga ccggattcgt 9005  
 tatacgcaac gttcccgta taattccgaa ccccatcaat acccccacca caggtttatt 9065  
 aactgtcccc atattacagg cgaccctcgg aatatagtca cttaaaacca cgcaattcgc 9125  
 ccgaggtcta aaaccatgga ctgctctcgt gtataccagg tcggcctta aggcttcata 9185  
 aaacatcccc gcccaaatgt gggcgtgtt acttatagtt aggagattct taatccttcc 9245  
 cctcatatca caacgcgtaa tcaaaacgct aaataaaacg catatagttt atttaatata 9305  
 aaatccggga taattagttc tatttaacaa acgggtttac aacggaatgt gggggggatt 9365  
 cttcgcgaat cgttgctagt tgtcaatgg cggcctccaa catcacatcg gattctggtg 9425  
 tcgcattttg tatgcccctt cttgttttg tatttggcg ataaatttggaa tggtttttaa 9485  
 ttctacgtcg cttaacgctt attacaataa caataaccat ggcggtgagg atcatgacag 9545  
 acgctactat aggaataatt ataagtagat tttctggagg atcattaagg gactttcgg 9605  
 gtaacgtgga catatccgtt ggatatacgt gatttctat cccctccctta acaacggact 9665  
 tagttctgt cgtaacaacg tcctcatgta accaagggtt atcctctaac gatttaccgg 9725  
 cacgaagatc aagcatatgt tgaaacaggg aggtaccgga cccttgggt gtcgcgggta 9785  
 aatcacacaa acgagcttgt tgaaaaaggg ctcttgtaga atatccattc ttagagacg 9845  
 gagaagtgtt gataaccccg tgaatgttgt gatgcgagcc cgctgtatat acatttacac 9905  
 caagaatgaa accatcggtg gatctgctat ggtctaaccg aacaagaagt acatacacac 9965  
 cagcatcatt tattcccggt ttggtaattt tcaacattac accagcatcc ggctctgtt 10025  
 atatccgatc cgttgagttt ccataatgcc acgaatgttt gtacctacac gaaataaaag 10085  
 cgctcggtct aatccgggaa catccgtcgt atcttattac ttgtactgac cgaaaacaaa 10145  
 acgccaccgt atcccggtat aacagttcca gtgtccgct atagttgtc ccggtaggta 10205  
 gttgctctcc aataaagaca agctgtcctt ttatcttgtt ataattatca ttttgcattt 10265  
 gaataaggat agacgtgaga ctgctgttaa cttgcaagct cacgtggcgtcccttgaaga 10325

tcaaagcgtt ggtcacttgt atgtaaaata taacggccga tatcaaacat tggattaaaa 10385  
 acatcgcgat taaatgaggc gcaccagtat acccaactac accgaagagc agctctgtga 10445  
 gccggggag gggacgcttt tcagcgctac tacaatgtta agaaaatgat cccgttttt 10505  
 atccttgttg taatggggcg tgactctgtta ttaagtttctt attggttatg ttatttat 10565  
 tagtatttca aaacattgcg cgtttgcacc ctattgcct taacgggtta tacgttataa 10625  
 acacaattta tacaatattt tattaacagg cttaatgaat tttaatctcc aacttccatt 10685  
 ggatttggat atggatcggg aagagttgg aaaacagagt ggttaagcaa cacctctgct 10745  
 gatggtcgat gacgtgcgtc aaacgataac atcttacata tcaaatactc caaatcaatt 10805  
 ggcaactcat atagatttgt ccacaatggc ctggatccgg gttttcgaga agaccgttt 10865  
 gccaaaccaa tgtattgtcg acgaagattt gatgttagggt taatggaaa ttcattggga 10925  
 ttagttccag atcgtcgtat aataagttt attgacgct cactgtcaca attgccatct 10985  
 aaaccgtctc gttcaaataa cgagttctgt cctgttagcca tttcaaataa tacaatcccg 11045  
 gcactccata tgtccacggc aggtccatat ggatctctag ccaataactc aggagagtt 11105  
 gtggcgattt ttccagccca gccataatac ctgttggcat taatatccac gggaaacac 11165  
 gctgctccaa agtctcccac acaaacatca cctgggtggtaatataat attttcagat 11225  
 tttatatcac ggtgaataat actgttattt tgaagatact gtaacgcgcg taatacagat 11285  
 cgctgaattt ctaaaatgtc acatatgggg aggttgcgtt ttgcagctat atagcgttat 11345  
 aaatctgttc ggttaacgtgg taatataaga catgtcattt tggtatacgt aaacgttcct 11405  
 ttaagctgtta caacggatgg gtgggttaac gctcttaaca cggttgcctc ggtggccgtt 11465  
 ctttgacgtt gacccgctt aatgaccaca tggtcacatg ttttactgtc cataacacgca 11525  
 aacgcaaaac cttccgcccc tgggttaac gttttataa ttacaaatcc cgcttttattt 11585  
 attccaaacgc gtgcttctgc gcacaatgcc acagaggctt cggcttcagt ttcgtgtaca 11645  
 ccatcaaata tattaaaaga ctgtatatcc atgttaacgt cataattggg atcatcctca 11705  
 gattctatgc cgggcgacat ttcaactgga aacatctgtt gtataaacc acatgtttgc 11765  
 ataatatgtg acggtgatgt tgagatggcg ccacggaact ttccttgc aacaaagggtg 11825

tctgttgcattaacgtcgattttataacttgtatcccgacttatgtttagatgtttaa 11885  
 tgaaccaaaaacctgttgcacaactgtacaaaatatactcaccgaca cacttataaa 11945  
 gtgatccgat tataagagggcgagataat gacaaaaagg ggaggggtta aacataactt 12005  
 acaaataatgg atttgattgttcctaggattattaataatgtctacatgtt ttatTTAATA 12065  
 ataacgtaaag gtaactttac ctcttgcataaatgtcggtatagctgaca acgtttatga 12125  
 aaacgcgcTTtaaacgacacttggatgtaaat aatctagaat cttgcataatgtatcataatc 12185  
 aaaagggtgtgtatTTAAACA CTTTAAACT agcctgctgg cttacaatctggatttct 12244  
 atg gcc gga caa aac acc atg gag ggt gag gcc gtg gcc tta ctg atg 12292  
 Met Ala Gly Gln Asn Thr Met Glu Gly Glu Ala Val Ala Leu Leu Met  
 460 465 470  
 gaa gcg gtg gta acc ccg cga gcg caa cca aat aat aca acg ata aca 12340  
 Glu Ala Val Val Thr Pro Arg Ala Gln Pro Asn Asn Thr Thr Ile Thr  
 475 480 485 490  
 gcc ata caa ccg agc cgt tcg gct gaa aag tgt tat tat agt gat agc 12388  
 Ala Ile Gln Pro Ser Arg Ser Ala Glu Lys Cys Tyr Tyr Ser Asp Ser  
 495 500 505  
 gaa aat gaa acg gca gat gaa ttt ttg cgt cga att gga aaa tat caa 12436  
 Glu Asn Glu Thr Ala Asp Glu Phe Leu Arg Arg Ile Gly Lys Tyr Gln  
 510 515 520  
 cat aaa ata tat cat cgt aaa aaa ttc tgt tat att acg cta ata att 12484  
 His Lys Ile Tyr His Arg Lys Lys Phe Cys Tyr Ile Thr Leu Ile Ile  
 525 530 535  
 gtc ttt gta ttt gct atg acg gga gcg gcc ttt gcc ttg gga tat ata 12532  
 Val Phe Val Phe Ala Met Thr Gly Ala Ala Phe Ala Leu Gly Tyr Ile  
 540 545 550  
 acg tca caa ttt gtt gga taa gtggacgatt tcgaggactc ggaatctacg 12583  
 Thr Ser Gln Phe Val Gly  
 555 560  
 gatacggaaag aagagtttgg taacgcgatt ggagggagtc acgggggttc gagttacacg 12643  
 gtgtatatag ataagacccg gtgatcaccg aaccggggca acgcccagcg tgtaaattta 12703  
 aataaaaaac agtacgcttt tatccggtgt atgtttaaa tttatTTTT ttttctatata 12763  
 aaaggatgg ggtgtcagga tctctcgtag gttcttggga ctccaaggga cccgcagccc 12823

aggtacgcgt caaaaagcct gtgacaaatt ccccccgggc ggtcatataa ttcggcgcgg 12883  
 atgcatttat tatcggcgta caatccaata gtcggaagtc cggcgtgtcc caaacagcac 12943  
 caaatatgccca tcaatatcag ccgctcgctg agctccagat gcgattgtgg atccggcatg 13003  
 cattgctcgc gtaataacga taacaccgct ctgcggatcg gcggaaaccga gggtggacgt 13063  
 tgtctatccg ctgcgagctc cccgcacatc cgtccgaagg cgtcccttgc cctccccac 13123  
 aaactcgcbc acggtctctc ggaggggctg tgtataaaag cctcgtaggc ctgcgttagat 13183  
 atggcgcata gcgcggcggc gaagtaccgt tcggcgtcgt tcatgagagc ctggtgcg 13243  
 ggggtatcgt gtcgtgtca gttaaagtccg gcatattcac cgcccggtg ctcaccgcgg 13303  
 gatccgcaga gattcatacc acacggcccg tgtgggacc ccgtgggta atggagacgt 13363  
 tcaaaccagc accctctacc ctctaatac cacaacaccc cactccccca cagacagaca 13423  
 tcaaaaaaaag acacgagcca aaccattgtta ttattttata aagactacac gccatggggg 13483  
 ggcggtatat catgccggcg cggggcttcg tgtcgacgtc gcttccaatc tacacccccc 13543  
 tcgccccaaacg cggtgagcgc tttcgccgct gtatattccg cggttctgc acccgctat 13603  
 cgctcgatgg cacgctgggg tctctttggg gacgggtgt tgacccatc cccgtctcg 13663  
 taacaatcgc cgggtacccc gtctggttca caagaatcgg tgctctcctc tgattttct 13723  
 tccactataa agtcttcccc gtccgatgat tccgcgtcgg aatcccgaaa ttcaattaca 13783  
 tccgatggcg tagacccatc atcgtcgcta tcgtttcac caccatcatc agatacgtca 13843  
 cattccagtg cgctcctatg caaaggaaca ttcggcgcct caatgaaccc gtcttcccc 13903  
 cgagggggtc gatggacac ttccattaaa gtagcgcgt agcactgcgt ctgggtgggt 13963  
 tgaagctgta acaattcctc ccagcacgct aacgtggac gctgtctggt gcgacccatt 14023  
 agataaaaagt cgaggcatat ggcgcgaat ctgcgtaat ctgcgtgac gcgtcccgac 14083  
 gactgtgcaa tacataaaaa aacacggttg atgcctcaa cgagcctggc cgggtggatc 14143  
 tcccaacccg gagtacaaaa cgcgcgggg ccccgacg tatccggcc gttcaggggt 14203  
 cctggtgcaat atccatattc catcttcgg ttaacatcaa ccgatgcccc gggttttgac 14263  
 tcggacgagt cgcccccgcgt agccggtgag gtgcacaaaca tgtccttggg gccgttagtaa 14323

cctttccct taaaaccgac tcgacgctgt cgcgatatga atcggacgaa ccctgcacaa 14383  
caaaacacac acccaaacgt ttacatctat gaataaggct acttgggtaa aatggcaatg 14443  
ggggattccg gggcgggaga cttcgattt ggtgcctt ataacaccaa aaaaaggggg 14503  
gggccccgtg tggtttttt ttcacgtca aatcgatttt aaaaagcctg ccgctccatt 14563  
tggaatatat atattctgtg aaaagccgc ccacacccca taaaaccgac acatcgccgg 14623  
aacacgcgac aacaagaaac tctctcttt tctctatata tatatatata tatatatata 14683  
tatatagaaa gaaagtgcga acgggtggttt gacacatgcc aaaaacatgaa aacccatata 14743  
gtgaaaaaac gggaaagtgcg aatgcagatc aaaagagtgt atccgattgg cgtacaccac 14803  
agacatgcgg acgcccatt taacccccc cttttcac ccccccaccc cacccttattc 14863  
caccccaagga agtgcgaacg ggtttacatg ctcagatata gaagttcttc gacttgttt 14923  
tgaataaatt ttttgtat tttctacaac ggttagaga attatggta taaacatcg 14983  
cggggttaccg cgccccctcc ccatcgccgg ggtaccgcgc cccctccca tcggcggggt 15043  
accgcgc(ccc ctccccatcg gcggggtacc gcgc(ccctc cccatcgccg ggtaccgcgc 15103  
ccccctcccc atcgccggg gttacgtga acaccacaac cccgtgtta tttatgggt 15163  
tatcgccggc ttctgtccgc ctgacataat ctttggagg ggtgggtgtg tatacgctt 15223  
ttgattgcgc gaacgtaatg acgacggaga gggacccaaa cacaccgtcg acgtgcattt 15283  
gattaactag atgcggatg ggtggaaaca acccgtgtta tataagatgt tttgcatgt 15343  
agacaacccc aattgtgtt atgtatatta tatatcgct gttagacacac gatgattgg 15403  
tgttatttaa acatatgtaa atgaaattca catgtctggt atcccttggt atgatgtgt 15463  
aaggatgcg gaaatagaca cgggcgtac atgcacaacc agcggctct cttaaacgc 15523  
atactatggt ccatgaactt cccgcctcgatgtcgatcca atcactacat cgtcttatca 15583  
ttaagaatat ttacacgggt acgacacggg gagaaatgt gcggtcgagg ggggggcaca 15643  
acacgtttt agtactgtt gaaactccctc accaaccgca atcgcaatcc tttgaaggct 15703  
gcgagagcgt ttggaaaact cgggtacgtc taaattcacc ccagtgcgt atg gat acg 15760  
Met Asp Thr

ccg ccg atg cag cgc tct aca ccc caa cgc gcg ggg tcg cct gat act Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser Pro Asp Thr 565 570 575	15808
ttg gag tta atg gac ctg ttg gac gcg gcc gcg gaa cac Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala Glu His 580 585 590 595	15856
agg gcc cggt gtg gtc acc tcg agt cag cct gac gat cta cta ttt gga Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu Leu Phe Gly 600 605 610	15904
gag aac ggg gtc atg gtg gga cgg gaa cac gag atc gtt tca att ccc Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val Ser Ile Pro 615 620 625	15952
tcc gta tcg gga ctt caa cca gaa ccc aga acg gaa gat gtt ggc gaa Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr Glu Asp Val Gly Glu 630 635 640	16000
gag cta aca caa gac gac tac gta tgc gag gac ggt cag gat cta atg Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu Asp Gly Gln Asp Leu Met 645 650 655	16048
ggc tcg cct gta atc ccg ctg gcc gag gtc ttc cac acc cga ttc tcg Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu Val Phe His Thr Arg Phe Ser 660 665 670 675	16096
gag gcc ggc gcg cga gaa cca aca gga gcc gat cgc tcc ctt gag aca Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr Gly Ala Asp Arg Ser Leu Glu Thr 680 685 690	16144
gtc tct ctc gga acg aag ctt gct agg tct cca aaa cca ccg atg aac Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro Pro Met Asn 695 700 705	16192
gat ggg gaa acg ggc aga ggt acg acc cct ccg ttc ccg cag gcc ttc Asp Gly Glu Thr Gly Arg Gly Thr Thr Pro Pro Phe Pro Gln Ala Phe 710 715 720	16240
tcc cct gta tcc ccc gcg tct cct gtt gga gac gcc gcc ggg aac gat Ser Pro Val Ser Pro Ala Ser Pro Val Gly Asp Ala Ala Gly Asn Asp 725 730 735	16288
caa cgg gaa gac cag cgg tct ata ccc cga caa acg acg aga gga aat Gln Arg Glu Asp Gln Arg Ser Ile Pro Arg Gln Thr Thr Arg Gly Asn 740 745 750 755	16336
tca cca ggt ttg ccg tcg gtg gtc cat cga gac aga caa act cag tcc	16384

Ser Pro Gly Leu Pro Ser Val Val His Arg Asp Arg Gln Thr Gln Ser			
760	765	770	
atc tcg ggt aaa aag ccg ggc gat gag caa gcg ggt cat gcg cat gca Ile Ser Gly Lys Lys Pro Gly Asp Glu Gln Ala Gly His Ala His Ala	775	780	785
16432			
tcg ggg gac gga gta gtt ctc cag aaa act caa cgg ccc gct cag gga Ser Gly Asp Gly Val Val Leu Gln Lys Thr Gln Arg Pro Ala Gln Gly	790	795	800
16480			
aag agc ccg aag aaa aag act ttg aag gtt aag gtc cca ctc ccg gcg Lys Ser Pro Lys Lys Thr Leu Lys Val Lys Val Pro Leu Pro Ala	805	810	815
16528			
cgg aaa ccc ggt gga cct gta ccc ggc ccg gtt gag caa ttg tac cac Arg Lys Pro Gly Gly Pro Val Pro Gly Pro Val Glu Gln Leu Tyr His	820	825	830
835			
gtc ctt tcg gac agc gtt ccc gct aag ggg gca aag gcg gac ctg ccg Val Leu Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Gly Ala Lys Ala Asp Leu Pro	840	845	850
16624			
ttt gag acc gat gat acc cgc cca agg aaa cat gat gcc cg <sup>g</sup> ggt ata Phe Glu Thr Asp Asp Thr Arg Pro Arg Lys His Asp Ala Arg Gly Ile	855	860	865
16672			
aca cct cgc gtc cct gga cgt tcg tcg ggg ggc aaa cct aga gcg ttt Thr Pro Arg Val Pro Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Pro Arg Ala Phe	870	875	880
16720			
ttg gcc ctg ccg gga aga tcc cac gca cca gac ccg att gag gat gac Leu Ala Leu Pro Gly Arg Ser His Ala Pro Asp Pro Ile Glu Asp Asp	885	890	895
16768			
agc cca gtg gag aaa aag cca aag agt cgt gag ttt gtt tcg tct tca Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser Arg Glu Phe Val Ser Ser Ser	900	905	910
915			
tcc tct tcc tcg tcg tgg gga tcg tca tcg gag gat gaa gac gat gaa Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser Ser Ser Glu Asp Glu Asp Asp Glu	920	925	930
16816			
ccc cgg cgc gtt tcg gtg gga agt gaa act aca ggc agc agg tcc gga Pro Arg Arg Val Ser Val Gly Ser Glu Thr Thr Gly Ser Arg Ser Gly	935	940	945
16912			
cgc gaa cac gcc cct tcc ccg tca aat tcg gat gat tcg gac tca aat Arg Glu His Ala Pro Ser Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asn	950	955	960
16960			

gat ggt ggg tcg acg aaa caa aat atc caa ccg gga tat cga tcc atc Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr Arg Ser Ile 965 970 975	17008
agc ggt ccc gat ccg agg att cgt aag acc aaa cgt ctt gcg ggg gaa Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu Ala Gly Glu 980 985 990 995	17056
ccg ggg cgc cag aga cag aaa tca ttt tcc ctg ccg cga tcc aga Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg Ser Arg 1000 1005 1010	17101
acc ccg ata att ccc ccg gtg tcg ggg ccg ctc atg atg ccc gac Thr Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro Asp 1015 1020 1025	17146
gga agc cct tgg ccc gga tcg gca ccc ctc cca tcc aac agg gtg Gly Ser Pro Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val 1030 1035 1040	17191
cgg ttt gga ccg tcc ggg gag acc aga gag ggt cac tgg gag gat Arg Phe Gly Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp 1045 1050 1055	17236
gag gct gtg aga gcg gcg ccg gct cgt tac gag gcc tca acg gaa Glu Ala Val Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu 1060 1065 1070	17281
ccc gtg ccg ctt tac gtg ccg gag ttg gga gat ccg gct aga cag Pro Val Pro Leu Tyr Val Pro Glu Leu Gly Asp Pro Ala Arg Gln 1075 1080 1085	17326
tac cgc gcg ctg att aac ctg atc tac tgt cca gac aga gac cct Tyr Arg Ala Leu Ile Asn Leu Ile Tyr Cys Pro Asp Arg Asp Pro 1090 1095 1100	17371
ata gca tgg ctc cag aac ccc aag ctg acc ggt gtc aac tcg gcc Ile Ala Trp Leu Gln Asn Pro Lys Leu Thr Gly Val Asn Ser Ala 1105 1110 1115	17416
ctg aac cag ttc tac caa aag ctg ttg cca ccg gga cg ggt Leu Asn Gln Phe Tyr Gln Lys Leu Leu Pro Pro Gly Arg Ala Gly 1120 1125 1130	17461
acc gcc gtt acg ggg agc gta gcg tct ccc gtt ccg cat gta ggc Thr Ala Val Thr Gly Ser Val Ala Ser Pro Val Pro His Val Gly 1135 1140 1145	17506
gaa gcc atg gcc acg ggg gag gcc ctc tgg gct ctc ccc cac gcg 17551	

Glu Ala Met Ala Thr	Gly Glu Ala Leu Trp	Ala Leu Pro His Ala	
1150	1155	1160	
gcc gcg gcc gtg gct	atg agc cgt cga tac	gac cgg gcc caa aaa	17596
Ala Ala Ala Val Ala	Met Ser Arg Arg Tyr	Asp Arg Ala Gln Lys	
1165	1170	1175	
cac ttt atc cta cag	agt ctc cgc aga gcc	ttt gcc agc atg gca	17641
His Phe Ile Leu Gln	Ser Leu Arg Arg Ala	Phe Ala Ser Met Ala	
1180	1185	1190	
tac ccc gag gca acg	ggc tcc agt ccg gcg	gcg cgg atc tcc cgc	17686
Tyr Pro Glu Ala Thr	Gly Ser Ser Pro Ala	Ala Arg Ile Ser Arg	
1195	1200	1205	
ggt cac cct tct cca	aca acc ccg gcc aca	cag gct ccc gac cct	17731
Gly His Pro Ser Pro	Thr Thr Pro Ala Thr	Gln Ala Pro Asp Pro	
1210	1215	1220	
cag ccg tcg gcc gcc	gca cgc tct ctt tct	gtg tgt cca ccg gat	17776
Gln Pro Ser Ala Ala	Ala Arg Ser Leu Ser	Val Cys Pro Pro Asp	
1225	1230	1235	
gat cgt tta cga act	ccg cgc aag cgc aag	tcc cag cca gtc gag	17821
Asp Arg Leu Arg Thr	Pro Arg Lys Arg Lys	Ser Gln Pro Val Glu	
1240	1245	1250	
agc aga agc ctc ctc	gac aag att agg gag	aca ccc gtc gcg gac	17866
Ser Arg Ser Leu Leu	Asp Lys Ile Arg Glu	Thr Pro Val Ala Asp	
1255	1260	1265	
gcc cggtt gca gac	gat cat gtg gtt tcc	aag gcc aag agg cgg	17911
Ala Arg Val Ala Asp	Asp His Val Val Ser	Lys Ala Lys Arg Arg	
1270	1275	1280	
gta tcc gag ccc gtg	acc atc acc tcg ggc	cct gtg gtg gat ccc	17956
Val Ser Glu Pro Val	Thr Ile Thr Ser Gly	Pro Val Val Asp Pro	
1285	1290	1295	
ccc gcc gta ata acg	atg cca ctt gac gga	ccg gcc cca aac ggg	18001
Pro Ala Val Ile Thr	Met Pro Leu Asp Gly	Pro Ala Pro Asn Gly	
1300	1305	1310	
gga ttt cgg cgt att	ccc cgg ggg gcc ctg	cat acc ccg gtc ccg	18046
Gly Phe Arg Arg Ile	Pro Arg Gly Ala Leu	His Thr Pro Val Pro	
1315	1320	1325	
tcg gac cag gct cgc	aag gcg tac tgt acc	ccc gaa acc atc gcc	18091
Ser Asp Gln Ala Arg	Lys Ala Tyr Cys Thr	Pro Glu Thr Ile Ala	
1330	1335	1340	

cgt ctg gtc gac gac	cca ttg ttt ccc acg	gcc tgg cgc cct gcg	18136
Arg Leu Val Asp Asp	Pro Leu Phe Pro Thr	Ala Trp Arg Pro Ala	
1345	1350	1355	
cta agc ttt gat ccc	ggc gcc ttg gcg gaa	atc gcc gct cgg cgt	18181
Leu Ser Phe Asp Pro	Gly Ala Leu Ala Glu	Ile Ala Ala Arg Arg	
1360	1365	1370	
ccg ggc gga gga gac	cga cgg ttt ggt cca	ccc agc gga gtg gag	18226
Pro Gly Gly Gly Asp	Arg Arg Phe Gly Pro	Pro Ser Gly Val Glu	
1375	1380	1385	
gcg ctg cga cgg agg	tgc gcc tgg atg cgg	cag atc cca gac ccg	18271
Ala Leu Arg Arg Arg	Cys Ala Trp Met Arg	Gln Ile Pro Asp Pro	
1390	1395	1400	
gag gat gtg agg ctt	ctg atc atc tac gat	ccg ttg ccc gga gag	18316
Glu Asp Val Arg Leu	Leu Ile Ile Tyr Asp	Pro Leu Pro Gly Glu	
1405	1410	1415	
gac atc aac ggc ccc	ctc gag agc acc ctc	gcg aca gat ccg gga	18361
Asp Ile Asn Gly Pro	Leu Glu Ser Thr Leu	Ala Thr Asp Pro Gly	
1420	1425	1430	
ccg tca tgg agt cca	tcc cga ggg gga ctg	tct gtg gtc ctg gca	18406
Pro Ser Trp Ser Pro	Ser Arg Gly Gly Leu	Ser Val Val Leu Ala	
1435	1440	1445	
gcc ctg agt aac cgg	ttg tgc ctg ccg agc	act cat gcc tgg gcc	18451
Ala Leu Ser Asn Arg	Leu Cys Leu Pro Ser	Thr His Ala Trp Ala	
1450	1455	1460	
ggg aac tgg acc ggc	ccg ccg gac gtg tcc	gct ttg aac gcc cg	18496
Gly Asn Trp Thr Gly	Pro Pro Asp Val Ser	Ala Leu Asn Ala Arg	
1465	1470	1475	
ggc gtt tta tta ctg	tcg acc cga gac ctg	gcc ttt gcc ggg gcc	18541
Gly Val Leu Leu Leu	Ser Thr Arg Asp Leu	Ala Phe Ala Gly Ala	
1480	1485	1490	
gtc gag tat cta ggc	tcg cgg ttg gcc tct	gcc cgg cgc cgg ttg	18586
Val Glu Tyr Leu Gly	Ser Arg Leu Ala Ser	Ala Arg Arg Arg Leu	
1495	1500	1505	
ctg gtg ttg gac gcg	gtg gcc ctc gag agg	tgg ccc agg gat gga	18631
Leu Val Leu Asp Ala	Val Ala Leu Glu Arg	Trp Pro Arg Asp Gly	
1510	1515	1520	
ccc gct ttg tct cag	tat cac gtg tac gtc	cg gg gcc ccg gcg cga	18676

Pro Ala Leu Ser Gln Tyr His Val Tyr Val Arg Ala Pro Ala Arg			
1525	1530	1535	
ccg gac gcc cag gcc gtc gtc cga tgg cca gac tcg gcg gtc aca			18721
Pro Asp Ala Gln Ala Val Val Arg Trp Pro Asp Ser Ala Val Thr			
1540	1545	1550	
gaa gga ctc gcc cgg gcc gtg ttt gca tcg tcg cgc acc ttt ggg			18766
Glu Gly Leu Ala Arg Ala Val Phe Ala Ser Ser Arg Thr Phe Gly			
1555	1560	1565	
cca gcg agt ttt gct cgt atc gag act gcg ttt gcc aac ctg tac			18811
Pro Ala Ser Phe Ala Arg Ile Glu Thr Ala Phe Ala Asn Leu Tyr			
1570	1575	1580	
ccg ggc gaa caa ccc ctg tgt ttg tgc cgc ggt ggg aac gtc gca			18856
Pro Gly Glu Gln Pro Leu Cys Leu Cys Arg Gly Gly Asn Val Ala			
1585	1590	1595	
tac acc gtg tgt acc cgc gcg ggc ccc aag acc cgc gtc ccc ctg			18901
Tyr Thr Val Cys Thr Arg Ala Gly Pro Lys Thr Arg Val Pro Leu			
1600	1605	1610	
tcg ccc cgt gaa tac cgg cag tac gtg ctg ccg ggt ttt gac ggt			18946
Ser Pro Arg Glu Tyr Arg Gln Tyr Val Leu Pro Gly Phe Asp Gly			
1615	1620	1625	
tgc aag gac ctc gcg cga cag tct cgg ggt ctg ggg ctc ggg gca			18991
Cys Lys Asp Leu Ala Arg Gln Ser Arg Gly Leu Gly Leu Gly Ala			
1630	1635	1640	
gcc gac ttt gtg gac gag gcg gca cat agc cac cgc gca gca aac			19036
Ala Asp Phe Val Asp Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn			
1645	1650	1655	
cga tgg ggc ctg ggt gcc gcg ctt cga ccc gtc ttc ctt ccc gag			19081
Arg Trp Gly Leu Gly Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu			
1660	1665	1670	
gga cgg aga ccg ggg gcc gcc ggg ccg gag gcc ggc gac gta ccc			19126
Gly Arg Arg Pro Gly Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro			
1675	1680	1685	
acc tgg gcg agg gtg ttt tgc cgc cac gcc ctg ctg gaa ccc gac			19171
Thr Trp Ala Arg Val Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp			
1690	1695	1700	
cct gcc gca gaa cca ctc gtg ctt cca ccc gtg gcc ggt cggt tcg			19216
Pro Ala Ala Glu Pro Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser			
1705	1710	1715	

gtg gcg ctg tat gcg	tcg gcg gac gag gct	cgg aat gcc ctc ccc	19261
Val Ala Leu Tyr Ala	Ser Ala Asp Glu Ala	Arg Asn Ala Leu Pro	
1720	1725	1730	
ccg att ccc aga gta	atg tgg ccg ccc ggt	ttt ggg gcc gcg gag	19306
Pro Ile Pro Arg Val	Met Trp Pro Pro Gly	Phe Gly Ala Ala Glu	
1735	1740	1745	
acg gtg ttg gag ggg	agc gac gga aca cgg	ttc gtg ttc gga cac	19351
Thr Val Leu Glu Gly	Ser Asp Gly Thr Arg	Phe Val Phe Gly His	
1750	1755	1760	
cac ggg ggc tcg gaa	cg <sup>g</sup> ccg tca gaa acc	cag gcg ggg cga cag	19396
His Gly Gly Ser Glu	Arg Pro Ser Glu Thr	Gln Ala Gly Arg Gln	
1765	1770	1775	
cg <sup>g</sup> cgc acc gca gac	gac aga gaa cac gct	ttg gag ctg gac gat	19441
Arg Arg Thr Ala Asp	Asp Arg Glu His Ala	Leu Glu Leu Asp Asp	
1780	1785	1790	
tgg gag gtg ggg tgt	gaa gac gcg tgg gac	agc gag gag ggg ggc	19486
Trp Glu Val Gly Cys	Glu Asp Ala Trp Asp	Ser Glu Glu Gly Gly	
1795	1800	1805	
ggg gac gac ggg gac	gca ccg ggg tca tcc	ttt ggg gtg agc atc	19531
Gly Asp Asp Gly Asp	Ala Pro Gly Ser Ser	Phe Gly Val Ser Ile	
1810	1815	1820	
gtg tcg gtg gcc ccg	ggt gtg ctg cga gac	cg <sup>c</sup> cg <sup>g</sup> gtg ggt ttg	19576
Val Ser Val Ala Pro	Gly Val Leu Arg Asp	Arg Arg Val Gly Leu	
1825	1830	1835	
cgc ccg gcg gtc aag	gtg gag ctg ttg tcc	tcg tcc tcg tcc tcc	19621
Arg Pro Ala Val Lys	Val Glu Leu Leu Ser	Ser Ser Ser Ser Ser	
1840	1845	1850	
gag gac gag gac gat	gtg tgg gga ggg cg <sup>c</sup>	ggg ggg agg agc ccc	19666
Glu Asp Glu Asp Asp	Val Trp Gly Gly Arg	Gly Gly Arg Ser Pro	
1855	1860	1865	
ccg cag agt cgg ggg	tga cggagtcccc tcctttctc	gtgagcgcca	19714
Pro Gln Ser Arg Gly			
1870			
ctggcgcg	gactgttgt	tgttaataaa	19774
gtctgtctgt	gcggcgccc	gacggcgccc	19834
cccccggtt	ctggcgccc	ggcggacccc	19894

ctcgagagag	aaaaaaaaaa	gacccac	ctccccgcgc	gttgcgggg	cgaccatcgg	19954									
gggggacttg	cattacccta	tcccagtatt	gtttgtacgc	ctctaatttgg	gttaactgtcc	20014									
caatacaccc	gacttcctat	atacagtgc	tttgggggttgc	gacttacctt	tatgggggg	20074									
tattacaggg	gggtggagaa	atgtcttcgt	atcgctctt	atctaaataa	agacagaatc	20134									
taaaatgtca	cttagctgta	tacccggccc	aaggttatac	caatcaactt	ccctgtttgt	20194									
tgggactgtc	cgccctacccc	aatacacatt	ttataccac	gttttagtgg	gtgggactta	20254									
aaagaaaatgg	gtggagggat	ataggggtgt	gtcttcgttgc	gtaccaatta	taaaaatgtta	20314									
ctcgccacaa	ctcacaattt	agaacgcatt	gcagttctgc	tacgtgtttg	gatgcccgga	20374									
cattagaata	cagccagtttgc	ttacc	atg	gat	acc	ata	tta	gcg	ggc	ggt	agc	20426			
			Met	Asp	Thr	Ile	Leu	Ala	Gly	Gly	Ser				
												1875			
ggc	acc	tcc	gac	gct	tcg	gat	aat	acc	tgc	acc	ata	tgc	atg	agc	20471
Gly	Thr	Ser	Asp	Ala	Ser	Asp	Asn	Thr	Cys	Thr	Ile	Cys	Met	Ser	
1880															1890
acc	gtt	tcc	gat	ctc	gga	aaa	acc	atg	ccg	tgt	ttt	cac	gac	ttc	20516
Thr	Val	Ser	Asp	Leu	Gly	Lys	Thr	Met	Pro	Cys	Leu	His	Asp	Phe	
1895															1905
tgc	ttt	gtt	tgt	att	cgg	gca	tgg	acc	tcc	acc	agc	gtc	cag	tgt	20561
Cys	Phe	Val	Cys	Ile	Arg	Ala	Trp	Thr	Ser	Thr	Ser	Val	Gln	Cys	
1910															1920
cct	ctc	tgc	cgg	tgt	cca	gtg	caa	tcc	atc	ctg	cat	aag	atc	gta	20606
Pro	Leu	Cys	Arg	Cys	Pro	Val	Gln	Ser	Ile	Leu	His	Lys	Ile	Val	
1925															1935
agt	gat	aca	agt	tac	aag	gaa	tat	gaa	gtg	cac	cca	tcc	gac	gac	20651
Ser	Asp	Thr	Ser	Tyr	Lys	Glu	Tyr	Glu	Val	His	Pro	Ser	Asp	Asp	
1940															1950
gat	ggt	ttt	tct	gag	ccg	tca	ttt	gaa	gat	tcc	atc	gac	atc	cta	20696
Asp	Gly	Phe	Ser	Glu	Pro	Ser	Phe	Glu	Asp	Ser	Ile	Asp	Ile	Leu	
1955															1965
ccg	gga	gat	gtc	ata	gat	ctt	ctg	cca	cca	agc	cca	gga	ccg	agt	20741
Pro	Gly	Asp	Val	Ile	Asp	Leu	Leu	Pro	Pro	Ser	Pro	Gly	Pro	Ser	
1970															1980
cgg	gag	tcc	atc	caa	cag	cca	aca	tca	aga	tcg	agt	cgg	gag	ccc	20786

Arg	Glu	Ser	Ile	Gln	Gln	Pro	Thr	Ser	Arg	Ser	Ser	Arg	Glu	Pro	
1985				1990					1995						
att	caa	tca	cca	aac	cct	ggg	ccc	ctt	caa	tcg	tcg	gct	aga	gag	20831
Ile	Gln	Ser	Pro	Asn	Pro	Gly	Pro	Leu	Gln	Ser	Ser	Ala	Arg	Glu	
2000					2005					2010					
ccc	aca	gca	gag	tca	cca	agt	gac	tct	caa	cag	gat	tct	ata	caa	20876
Pro	Thr	Ala	Glu	Ser	Pro	Ser	Asp	Ser	Gln	Gln	Asp	Ser	Ile	Gln	
2015					2020					2025					
cca	ccg	acc	cga	gac	tcg	agc	cct	ggt	gta	acc	aaa	aca	tgc	tct	20921
Pro	Pro	Thr	Arg	Asp	Ser	Ser	Pro	Gly	Val	Thr	Lys	Thr	Cys	Ser	
2030					2035					2040					
acc	gca	tca	ttt	tta	cgg	aag	gta	ttt	ttt	aaa	gac	caa	cct	gct	20966
Thr	Ala	Ser	Phe	Leu	Arg	Lys	Val	Phe	Phe	Lys	Asp	Gln	Pro	Ala	
2045					2050					2055					
gtt	cga	tcg	gcg	acc	ccg	gtg	gtg	tat	ggc	tcg	att	gaa	tct	gca	21011
Val	Arg	Ser	Ala	Thr	Pro	Val	Val	Tyr	Gly	Ser	Ile	Glu	Ser	Ala	
2060					2065					2070					
cag	caa	ccc	cgg	acc	ggg	ggg	cag	gac	tac	cgt	gat	cgt	cca	gta	21056
Gln	Gln	Pro	Arg	Thr	Gly	Gly	Gln	Asp	Tyr	Arg	Asp	Arg	Pro	Val	
2075					2080					2085					
tct	gtg	gga	att	aat	caa	gac	cca	cga	acc	atg	gac	aga	ctg	cct	21101
Ser	Val	Gly	Ile	Asn	Gln	Asp	Pro	Arg	Thr	Met	Asp	Arg	Leu	Pro	
2090					2095					2100					
ttt	cga	gcc	acg	gat	aga	gga	aca	gag	gga	aac	gcg	aga	ttc	ccg	21146
Phe	Arg	Ala	Thr	Asp	Arg	Gly	Thr	Glu	Gly	Asn	Ala	Arg	Phe	Pro	
2105					2110					2115					
tgt	tac	atg	caa	cct	tta	ctc	gga	tgg	ctt	gat	gat	caa	ctt	gcg	21191
Cys	Tyr	Met	Gln	Pro	Leu	Leu	Gly	Trp	Leu	Asp	Asp	Gln	Leu	Ala	
2120					2125					2130					
gaa	ctg	tat	caa	ccc	gaa	att	gta	gag	cct	aca	aaa	atg	ttg	ata	21236
Glu	Leu	Tyr	Gln	Pro	Glu	Ile	Val	Glu	Pro	Thr	Lys	Met	Leu	Ile	
2135					2140					2145					
tta	aac	tat	ata	ggt	att	tac	ggg	cgt	gat	gag	gcg	gga	tta	aaa	21281
Leu	Asn	Tyr	Ile	Gly	Ile	Tyr	Gly	Arg	Asp	Glu	Ala	Gly	Leu	Lys	
2150					2155					2160					
aca	tcc	ctg	cgt	tgt	ctt	ttg	cat	gat	tca	aca	gga	ccg	ttt	gta	21326
Thr	Ser	Leu	Arg	Cys	Leu	Leu	His	Asp	Ser	Thr	Gly	Pro	Phe	Val	
2165					2170					2175					

aca	aac	atg	tta	tcc	ttg	ttg	gat	cga	tgt	acc	gat	cca	acc	cgc	21371
Thr	Asn	Met	Leu	Phe	Leu	Leu	Asp	Arg	Cys	Thr	Asp	Pro	Thr	Arg	
2180					2185					2190					
cta	acc	atg	caa	acc	tgg	acc	tgg	aaa	gat	aca	gcc	atc	caa	cta	21416
Leu	Thr	Met	Gln	Thr	Trp	Thr	Trp	Lys	Asp	Thr	Ala	Ile	Gln	Leu	
2195					2200					2205					
att	aca	ggt	cca	att	gta	aga	cca	gaa	acc	acc	tca	acc	ggg	gag	21461
Ile	Thr	Gly	Pro	Ile	Val	Arg	Pro	Glu	Thr	Thr	Ser	Thr	Gly	Glu	
2210					2215					2220					
acc	tct	cgt	ggc	gat	gaa	agg	gat	acc	cga	ttg	gta	aat	aca	ccc	21506
Thr	Ser	Arg	Gly	Asp	Glu	Arg	Asp	Thr	Arg	Leu	Val	Asn	Thr	Pro	
2225					2230					2235					
caa	aaa	gtc	agg	ctt	ttt	tct	gtg	tta	ccg	ggg	att	aaa	ccg	gga	21551
Gln	Lys	Val	Arg	Leu	Phe	Ser	Val	Leu	Pro	Gly	Ile	Lys	Pro	Gly	
2240					2245					2250					
agc	gca	agg	ggt	gct	aag	cgc	cgt	tta	ttt	cat	acc	ggc	aga	gac	21596
Ser	Ala	Arg	Gly	Ala	Lys	Arg	Arg	Leu	Phe	His	Thr	Gly	Arg	Asp	
2255					2260					2265					
gtt	aaa	cga	tgc	tta	aca	ata	gac	ctg	aca	tct	gag	tct	gat	tcg	21641
Val	Lys	Arg	Cys	Leu	Thr	Ile	Asp	Leu	Thr	Ser	Glu	Ser	Asp	Ser	
2270					2275					2280					
gca	tgt	aag	gga	agt	aaa	acc	cgc	aaa	gtt	gcc	tct	cca	cag	ggg	21686
Ala	Cys	Lys	Gly	Ser	Lys	Thr	Arg	Lys	Val	Ala	Ser	Pro	Gln	Gly	
2285					2290					2295					
gag	tcc	aat	acc	ccc	tcc	acc	tcc	gga	tca	aca	tca	ggt	tca	ctg	21731
Glu	Ser	Asn	Thr	Pro	Ser	Thr	Ser	Gly	Ser	Thr	Ser	Gly	Ser	Leu	
2300					2305					2310					
aaa	cac	ctt	acc	aaa	aaa	agc	tct	gcc	ggt	aaa	gcg	ggt	aaa	ggt	21776
Lys	His	Leu	Thr	Lys	Lys	Ser	Ser	Ala	Gly	Lys	Ala	Gly	Lys	Gly	
2315					2320					2325					
att	cca	aac	aag	atg	aag	aag	tcc	tag	tttgttgga	gggggaagga	21823				
Ile	Pro	Asn	Lys	Met	Lys	Lys	Ser								
2330					2335										
aatgccttaa	acatccacag	tctgcttat	taccaactgt	atgtaaatta	tgatcattaa	21883									
acgtgcattt	aaaaatacc	tgagtgtgc	tattggcgt	aagggttgg	atatctggaa	21943									
cccaagggtgt	aaatactgcc	ccctggtaag	tccgtacacg	attcggaaatg	cccgcaatcc	22003									

ggtctcgag taaccgggc atcctgctc gcaaatacaa taaacataac agtctaacag 22063  
 tacgcatgtg ctgtcgtaag cgctccgcc taaattacaa aaatttgaga ttacgctcaa 22123  
 tacttgtcac cgtttgtatt tatacaccc tcacggagca aactaaaggt atacttgag 22183  
 atgcaaccaa ggccgagttg agacggaaa attagaagct gttttccag cggaaaaat 22243  
 catccggtt gggtagtct tatagcaatt aaagttatta aatggccgg aagggtggcgg 22303  
 gggtaggtgaa ggcgaggta aagcaaactt gcgggggat aaaaggcata tatgttacaa 22363  
 aatacgcacg caaatataaa ttttagttt gtacttacag taaaggcaac ggtgtttcg 22423  
 gtttaggcag ccggaccgt ttaaaatgcc aactggatag tctgcaagga ggaaacgctg 22483  
 ctgcaatgag tcaggtttt aggtgaatta ggtatgatgc atcattttt ttaatggact 22543  
 tttaatggat tgaaacggat agaagggaa ac gttagcata atggatattt gttgatattt 22603  
 taagcacgct gccaaagtacg cactaagaat gcttagaaat attaaactg aaatgcgtgg 22663  
 gtttggcaaa cgtagttaa aatcaatctc agatccaagg gataatggcc gttggcagg 22723  
 cctccaaaag gcaatttgag cgtttaagt ttgggtacg ttttaaagc ttgattggca 22783  
 aacgttaccg caaatcaatc ttagatccaa gggataatgg ccgttggca ggcctccaaa 22843  
 aggcaatttgc agcgtttca gtccgcttga aaacggtcta agtatttgcc gtaaatgacc 22903  
 gcgagaggta taatataaac atctgtttc ccgtgacgt gttaaagaaa gtgatttat 22963  
 cagataacgg gggactgtaa agcttaatac gtgacatgtg attgggtgta taaatactac 23023  
 atccaaatct tgcattggaaa ttgcgttgtt cggcacgccc tgacgttga catattaaga 23083  
 tcgccccttt tagaaaaatg agatatgaca ccaagagttt aactaaaggc caactgtata 23143  
 tataaaactc atacttgcc atgcttccat tagagtggtc aagttttca aaggatacga 23203  
 caacgtcgta gtgaaggaa aacacaagcg tcatggcatc acataaatgg ttactgcaga 23263  
 tagttttttt aaaaactatc acaatcgctt attgtcttca tctccaagac gacactccgt 23323  
 tgttttttgg agccaaaccg ctatcgatg tgagttgtat tataacggaa ccgtgcgtgt 23383  
 catcggtata tgaggcgtgg gactatgcgg cacccccgtt atcaaaccc tcacggcgc 23443  
 tatcggaat cgtggtaag acaaaatgtc cagtaccgga agttatactt tggttaaag 23503

acaaacaat ggcgtactgg acaaattccat acgtcacctt aaaggggctg gcacaatctg 23563  
 ttggtaaga acataaaagc gggacatac gcgatgctt gttggatgcc cttccggtg 23623  
 tatggtaga ctctactcca tcttcacaa atatcccga aa atg gat gtg tct 23677  
 Met Asp Val Ser  
 2340

ggg gag ccg acc gtt tgt tcc aac gcg tat gcc aat gaa atg aaa 23722  
 Gly Glu Pro Thr Val Cys Ser Asn Ala Tyr Ala Asn Glu Met Lys  
 2345 2350 2355

cta tcg gat tca aag gac att tat gtt ttg gcc cat ccg gtt acc 23767  
 Leu Ser Asp Ser Lys Asp Ile Tyr Val Leu Ala His Pro Val Thr  
 2360 2365 2370

aaa aaa acc cgc aag cga ccc cgc ggg ctg cct ttg ggg gtt aag 23812  
 Lys Lys Thr Arg Lys Arg Pro Arg Gly Leu Pro Leu Gly Val Lys  
 2375 2380 2385

cta gac ccc cca acc ttc aag tta aat aac atg tca cat cat tac 23857  
 Leu Asp Pro Pro Thr Phe Lys Leu Asn Asn Met Ser His His Tyr  
 2390 2395 2400

gac acg gaa acg ttc acc ccc gtc tct tcg caa ctg gat tcg gtt 23902  
 Asp Thr Glu Thr Phe Thr Pro Val Ser Ser Gln Leu Asp Ser Val  
 2405 2410 2415

gaa gtt ttc agc aag ttt aac att tcc cct gag tgg tat gac ctg 23947  
 Glu Val Phe Ser Lys Phe Asn Ile Ser Pro Glu Trp Tyr Asp Leu  
 2420 2425 2430

ttg tcg gac gaa ctt aaa gag ccg tac gcg aaa ggt att ttt tta 23992  
 Leu Ser Asp Glu Leu Lys Glu Pro Tyr Ala Lys Gly Ile Phe Leu  
 2435 2440 2445

gaa tac aat cgt ctt tta aat tca ggg gaa gaa ata ctt cca tct 24037  
 Glu Tyr Asn Arg Leu Leu Asn Ser Gly Glu Glu Ile Leu Pro Ser  
 2450 2455 2460

aca ggc gat att ttt gca tgg acg ccg ttt tgc gga ccc cag agc 24082  
 Thr Gly Asp Ile Phe Ala Trp Thr Arg Phe Cys Gly Pro Gln Ser  
 2465 2470 2475

att cgc gtt gta att att ggt caa gat cca tac cct acc gcg gga 24127  
 Ile Arg Val Val Ile Ile Gly Gln Asp Pro Tyr Pro Thr Ala Gly  
 2480 2485 2490

cat gca cat ggg cta gcg ttt agt gta aaa cgt ggc ata aca cca 24172

His Ala His Gly Leu Ala Phe Ser Val Lys Arg Gly Ile Thr Pro			
2495	2500	2505	
ccg tct agt ctt aaa aat att ttt gcg gcc ctc atg gaa tca tac			24217
Pro Ser Ser Leu Lys Asn Ile Phe Ala Ala Leu Met Glu Ser Tyr			
2510	2515	2520	
cca aat atg act ccg ccc act cac gga tgc ctg gag agt tgg gca			24262
Pro Asn Met Thr Pro Pro Thr His Gly Cys Leu Glu Ser Trp Ala			
2525	2530	2535	
agg cag ggg gtg tta ttg ctg aat acc acg ctt acg gtt cgt cgc			24307
Arg Gln Gly Val Leu Leu Leu Asn Thr Thr Leu Thr Val Arg Arg			
2540	2545	2550	
ggg act ccg ggg tcg cat gta tac tta ggc tgg ggg cgg ctg gtg			24352
Gly Thr Pro Gly Ser His Val Tyr Leu Gly Trp Gly Arg Leu Val			
2555	2560	2565	
caa cgc gtg cta cag agg tta tgc gag aac cgt aca ggg tta gtt			24397
Gln Arg Val Leu Gln Arg Leu Cys Glu Asn Arg Thr Gly Leu Val			
2570	2575	2580	
ttt atg ctg tgg ggt gcg cat gca cag aag aca acc caa ccg aat			24442
Phe Met Leu Trp Gly Ala His Ala Gln Lys Thr Thr Gln Pro Asn			
2585	2590	2595	
tca aga tgt cat ctg gtg cta aca cac gcg cat ccg tcg cca ttg			24487
Ser Arg Cys His Leu Val Leu Thr His Ala His Pro Ser Pro Leu			
2600	2605	2610	
tcc cgt gtt cca ttt cggtt aat tgt cga cat ttc gtt caa gcc aat			24532
Ser Arg Val Pro Phe Arg Asn Cys Arg His Phe Val Gln Ala Asn			
2615	2620	2625	
gag tat ttt acg cgt aaa ggc gaa ccc gag atc gat tgg agt gtt			24577
Glu Tyr Phe Thr Arg Lys Gly Glu Pro Glu Ile Asp Trp Ser Val			
2630	2635	2640	
ata taa cactccaatc gaccctttt cgtaccataa tgtttcgga gttgcctcct			24633
Ile			
tccgtaccga cggcattgct tcaatgggtt tggggattgc atcgtggacc gtgttcgatc			24693
ccaaattttta aacaggttagc cagccaacac agtgttcaga acgatttac agaaaaatagc			24753
gttgatgcaa atgaaaaatttccgattggg cacgcggct gtattgagaa aaccaaagac			24813
gactatgtac catttgatac gttgttcatg gtatcatcta ttgacgaact tggcggaga			24873

caattaaccg acaccatccg ccgcagctt gttatgaacg cctgtgaaat aacggtcg 24933  
 tgtacgaaaa ccgcagcctt ttctggtcga ggcgtgtcac gacaaaaaca cgtgacccta 24993  
 tctaaaaata aattcaatcc atccagtcat aagagcctgc aaatgttgtt gttgtgtcaa 25053  
 aaaacccatg caccgggtgt cagaaaccta ctgtacgaga gtattcgtgc aagaagacct 25113  
 cgccgatatt acacccgctc aacggacgga aaatcgctc cggtggtacc agtgttgtg 25173  
 tatgagttt cggctttaga tcgtgtcctt ttacataagg aaaatacttt gaccgaccaa 25233  
 ccaattaata ctgaaaatag cggtc atg gac gta cga gaa cgt aat gtg ttt 25285  
                   Met Asp Val Arg Glu Arg Asn Val Phe  
                   2645                  2650  
  
 gga aat gcc agc gtt gcc acg ccg ggg gaa cat cag aaa ttt gta 25330  
 Gly Asn Ala Ser Val Ala Thr Pro Gly Glu His Gln Lys Phe Val  
                   2655                  2660                  2665  
  
 cgc gag tta att ttg tcg gga cac aac aac gtc gta tta cag aca 25375  
 Arg Glu Leu Ile Leu Ser Gly His Asn Asn Val Val Leu Gln Thr  
                   2670                  2675                  2680  
  
 tac act ggt aaa tgg tca gac tgc cgt aaa cac ggt aaa tcg gtt 25420  
 Tyr Thr Gly Lys Trp Ser Asp Cys Arg Lys His Gly Lys Ser Val  
                   2685                  2690                  2695  
  
 atg tat aat acc ggt gaa gcg cgg cac cca acc tgc aag gct cat 25465  
 Met Tyr Asn Thr Gly Glu Ala Arg His Pro Thr Cys Lys Ala His  
                   2700                  2705                  2710  
  
 caa cgt taa gaggataggt gtcttcaaat taaaagccgt taaatataaa 25514  
 Gln Arg

tttttgtgt cgtttattcg cgtatgaaat gtaatcagtt gggataaatg ttagtcttga 25574  
 atctgtctt acgcgttgc ggcgtccgt aatattaacg aaagaacgtc gtcgtctgat 25634  
 gtgaaaaagg ccgggtgtgg tgaagaagga cagttggttt caggctgccg cctttgcgat 25694  
 gtataactggt gcgggggtgg tggtgggtgt gtctgatcgt caggtctgtt taccctaaa 25754  
 ccgtatataa caattgagat acacatggat aggtcatctt ccgttattac ggatagtacc 25814  
 ccccccacat tactgtacag ctgagatgtt gggcagaac cgaccagga cataaacggc 25874  
 atcgcaaatg ttgcgtgggg ttgtccgt aagtggaaat cccggcgtaaat aatgcgtat 25934

gatgaaaagt cagtagaaaca gtctatggtt agcagggtca ctgtatgggt gtgttgaagg 25994  
acgatcatac caccgctcat tgtatcacat cgagcgtccg tcttcaccgc cattgatctt 26054  
gacccacccg taaatgcgta gagtggttgt tcatgatccg gtaaagtcca gtgaagaacc 26114  
cgccctaacc catgtaacct atataaaata aacgtcggtt ggggtccaga gatgctcatg 26174  
gcgggtgtat ttaagacaaa acctagaaat gagaacagca agcccgcatg cgtgtttta 26234  
tacaatgcct taatacacaa cgtgtacgtt gggatcacgt agagcggcaa gaatgtgatc 26294  
gctaatttct gcggattttt catatcggtt ccgtagaggg tttagattca ttttaagaa 26354  
cctagaggag accgtacgac acatggcaac atacacacta tttaggcga gtttatccgc 26414  
cgtaaaacag atagctacct tctctaaact cagaccctgt gagcgtgcaa ttgtcatggc 26474  
tagtttagaa ctaaggccat agtccaccgt ggtggccatt gccaattctg catcctctat 26534  
agactcggtt aattcacata cgtagcggtt tacgatggac acaaaccat gttgatcctg 26594  
taagaccata agaggtacgt gtagagcata taacattcg gtagttcgc ggtacagctt 26654  
tttcgggtc agttcctcta caaagactgg cacgggtgca aaagtataacc ccaaaagggt 26714  
atacgtatct gttttaatg ccaaagataa cagccccccc cgcacattgc cgatcaaaag 26774  
ctcgcttcg ttgaaattaa cattatcgac atacgcgcta aaggggcgg ttgtaaagct 26834  
gcttcgaaa agctctgcta atatggcata tcgaccatcg taaatagctt tcattaacag 26894  
aaactgagca tggacctcat tggatgattt gggataggaa aattcgact ggcagtatac 26954  
caagtcaata acctcgctgt taagtgcgtt aaaaattaca tcatccgggtt cttcgggtat 27014  
ggaggccgtt acttggact cgggggcattt ggttaagcag aaggctttat cggcagaagt 27074  
agctgcacca tcacagtcaa tcccgccacc cgccccatta accgctgctt cgtgttaagg 27134  
ggcttgggtt gttccagaca ataactccag ggttaaggca gctaaccgtt tgtatgctaa 27194  
cgataccctt tcgggatgta ggtttttatt taacaaaaaa ttgtaaaagt taatcaagcc 27254  
tccaaagatt aggttgaca gaaaccggta agcatattcg atggatgtct ctcctcgagc 27314  
cttcacaaag gagtcgtcac gtaaaacctt tgcaaacgat tgaaatgtac cactgaatcc 27374  
aataactaac ttacgttagtc ttgtggttac aactacgaga ctathtagca cgtaagtgtat 27434

gtctgtacgg gctacaatta agtcgcgatt tgaatgtgtt tcgtatttaa ctgttccat 27494  
gtcatgatct cggcttgaa aataattgtg caaacgaccg gagttgccc gtatccaatg 27554  
ttcaacagaa agtccgggtt gtcccgtaa ttgcggtat tcataaatg ccgttagccg 27614  
gatgaatgta taagtcgta aggcaaacad agaaaaatgg tcattttcg atagtttaa 27674  
atgcgcgtgt aacttactca tatacgcgct cacccctta tgacgacgat acagacgcgt 27734  
ccatccggga agattagcag gattgttaat ataggatgca ggtacaacaa atgtatcgac 27794  
cagacgcgca tgtgcgtcg taataggttag cccgtactca agcgtttta aaagatttcc 27854  
aaaatcgcc tcttgcacatc gtttgcattt aataaagatt gcccagttt gtgagatgtt 27914  
agtatattga cgccaggtt gattgcagat tatatacgat agtataattt cactaggat 27974  
tacgtgtgaa cgctgcgtgt catgtgaaa atgagattct aacgagtcag ttgggtggg 28034  
cgaaccgacg catactatga ccggtttcg accgttatg tactgaggc ttgtatatat 28094  
agcattcaaa agccaccaac agtaaacaac ggccgtgaga atatgacgcc ctagcaatcc 28154  
tgcttcatca ataacaataa cggtgcctcg ggtaaaagcc ggaaggaaac cgcatgcgt 28214  
aaacgcggtt ccggacattt agcctgttagg tttattaagc aaacgttcaa ttgcccacag 28274  
ggttttaaat gtcgtatgttc ctccgcgacc gtcgtcccc atttgaaca ctcgtttgt 28334  
tatataattt aaaacttccc agtagtatac aatatcttt tttgcaggt cctcaataga 28394  
aggggggggtc gtagtccagt tatatgcgtt acggcccagc tgagcctgaa tgtgattcc 28454  
gcgaaaacca aattcatgaa agattgtttt tatcggacga ctcgcataag ccgttgataa 28514  
cttagcatga acattttggg cagcaaccct ggtggatccg gtaataatgc aatcgatagc 28574  
ttcgtaagc gtttggatac acgtgcgtt tccggagccg gcattccgc taattaaata 28634  
aacggagaag gggagctcat tcctctgcat ttcaaggagcc gcttgcagtt cgagtaactg 28694  
tttaaaccua cacaaccgcg gaacacgttc tttggaatc gtaattgcgg caagttctcg 28754  
aatccgtgag aggataggtt gaatgctatg catagaggtt aagtttaat atacactgtc 28814  
atcaaatcca ttggcgtct ctggattaaa aacgttttg ggtgaagaac tgtctacaga 28874  
aattgatctt ttcatcggtt tttcaatgg ccgaaataac gtctttttt aataacagtt 28934

ccggtagtga agaaaaaagg atagcaagtt ctgtttctat tgaccagggc ttgaatggaa 28994  
 gtaacccaaa tgaccaatac aagaacatgt tcgatatata ctggaatgag tacgccccgg 29054  
 atatagggtt ttgtacattt ccggaggaag atggctggat gttaatacac ccaaccacgc 29114  
 aaagtatgtt gtttcgaaaa atcctagccg gtgactttgg atataccgat ggacaaggca 29174  
 tatatagcgc tgtacggtct acggaaactg taattcgcca agttcaggca accgtttga 29234  
 tgaacgcgtt ggatgcaact cggtatgagg acctagcagc agattggaa caccacatcc 29294  
 aacaatgtaa cctgcatgcc ggggctctag cgaaacgtta tggctatgt ggagaatcag 29354  
 aagccgtacg gcttgcacat caggttttg aaacctggcg tcaaacatta cagtcatcgt 29414  
 tacttgagtt tctgcgtgga ataaccggtt gtctctatac cagtggtttta aatggaaggg 29474  
 tcggtttgc caaatacgtg gactggatag cctgtgttagg tattgtgccc gttgtaagaa 29534  
 aggtacgatc agaacagaat ggaaccctg caccattaaa tacgtatatg ggtcaagcgg 29594  
 cagaactgtc ccagatgtta aaagttgccg atgcaacgtt ggccagagga gcggcggttg 29654  
 tcacaagcct agttgagtgt atgcaaaatg ttgctattat ggattatgat aggacgcgtc 29714  
 tttattataa ttataaccga agattaatta tggcaaagga tggatgtaaacg ggcattaaagg 29774  
 gagagtgttt ggtcgtgtgg ccgcccgttg tatgtggggaa gggtagtta tttgactcac 29834  
 ccttacagcg gcttctggg gaggtgttgg cctgttatgc attacgtgaa catgctcgcg 29894  
 tctgccaagt tttaaataca gccccttgc gcgtgttaat aggtcgccgg aatgaagatg 29954  
 atagatctca cagcacacgt gcgggttgcgtc gtataatggg cgagaacgat acaacacggg 30014  
 ctggatcggc cgcgtctaga cttgtaaagc taatagttaa cttaaaaaac atgagacatg 30074  
 ttggagatataccgaaacc gtacgttcct atctagaaga aacggcaat cacattctgg 30134  
 aaggaagtgg atcgggtggac acatcacaac cggggtttgg caaggccaaac caatcctta 30194  
 acgggggggc aatgtccgga acaacaaacg ttcaaagtgc gttaaaact tcggtggtta 30254  
 acagtatcaa cggcatgctc gagggttatg tgaataattt attcaaaacc attgagggtc 30314  
 tcaaggatgt gaacagcgat ctgaccgaaa ggctccagtt caaagaagga gagctgaaac 30374  
 ggttacggga agagaggta aaaataaagc catctaaagg gtcacatatt acaatggcag 30434

aagaaacacg	tattgccat	ttaaatcag	aggttataga	tcttaccggc	ataatagggg	30494	
atgatgcata	tattgccaat	agtttcaat	ctcgttatat	cccccccttat	ggagatgata	30554	
taaaacgttt	gtctgagcta	tggaaacagg	aacttgttcg	ctgttttaag	cttcaccggg	30614	
taaacaataa	tcaaggccag	gaaatttctg	tatcatattc	aatgcgtca	atctcattac	30674	
tagttgcgcc	gtattttca	ttcatattac	gggccacccg	attaggattc	ttggtaactc	30734	
aaagcgaggt	acataggtca	gaggaagagt	tatgccaggc	tatTTTaaa	aaggcgagaa	30794	
cagagtccta	tttatcccaa	atccgaatat	tatATGAAAT	gcagggtcgc	gcagaggtaa	30854	
taaaacgggg	cccacggaga	acaccaagtc	cttcctgggg	tttcctgac	cctacagaag	30914	
atgacgaaag	aatcccgaa	cccaataaaa	taaataacca	atacatgcat	gttggatata	30974	
aaaacctatc	ccatTTTATG	aaaggacacc	cccctgagag	gttacgggta	cacaaggtaa	31034	
atg cag	cg att	cga cct	tac tgg	ata aaa	ttc gag caa	acc gga	31079
Met Gln	Arg Ile	Arg Pro	Tyr Trp	Ile Lys	Phe Glu Gln	Thr Gly	
2715	2720				2725		
ggc gcg	ggg atg	gcc gat	ggg atg	tcc gga	ata aat	ata ccc agc	31124
Gly Ala	Gly Met	Ala Asp	Gly	Met Ser	Gly Ile	Asn Ile Pro	Ser
2730	2735				2740		
att tta	ggt tgc	agc gta	acg atc	gac aac	tta cta	aca cga gcc	31169
Ile Leu	Gly Cys	Ser Val	Thr	Ile Asp	Asn Leu	Leu Thr Arg	Ala
2745	2750				2755		
gaa gag	ggg ttg	gat gtg	agc gac	gtg atc	gaa gat	ctt aga ata	31214
Glu Glu	Gly Leu	Asp Val	Ser	Asp Val	Ile Glu	Asp Leu Arg	Ile
2760	2765				2770		
caa gca	ata cca	aga ttc	gta tgc	gag gcg	cgg gag	gta acc ggt	31259
Gln Ala	Ile Pro	Arg Phe	Val	Cys Glu	Ala Arg	Glu Val Thr	Gly
2775	2780				2785		
ttg aag	cca cgc	ttt ttg	gca aac	tct gtt	gta tca	ctg cgc gta	31304
Leu Lys	Pro Arg	Phe Leu	Ala Asn	Ser Val	Val Val	Ser Leu Arg	Val
2790	2795				2800		
aaa ccg	gaa cac	caa gag	acc gtt	tta gta	gtg ttg	aat ggt gat	31349
Lys Pro	Glu His	Gln Glu	Thr Val	Leu Val	Val Leu	Asn Gly Asp	
2805	2810				2815		
tca agt	gag gtg	tcc tgt	gat cgt	tac tac	atg gag	tgt gtt act	31394

Ser	Ser	Glu	Val	Ser	Cys	Asp	Arg	Tyr	Tyr	Met	Glu	Cys	Val	Thr	
2820				2825						2830					
caa	cca	gcg	tgc	cgc	gga	ttt	att	ttt	tcc	gta	tta	act	gcg	gtt	31439
Gln	Pro	Ala	Phe	Arg	Gly	Phe	Ile	Phe	Ser	Val	Leu	Thr	Ala	Val	
2835				2840						2845					
gaa	gat	agg	gtg	tat	acg	gtg	ggg	gtg	cct	ccg	cgc	ctg	tta	atc	31484
Glu	Asp	Arg	Val	Tyr	Thr	Val	Gly	Val	Pro	Pro	Arg	Leu	Leu	Ile	
2850				2855						2860					
tat	cg	atg	act	cta	ttc	cg	ccg	gat	aat	gtc	cta	gat	ttt	acc	31529
Tyr	Arg	Met	Thr	Leu	Phe	Arg	Pro	Asp	Asn	Val	Leu	Asp	Phe	Thr	
2865				2870						2875					
tta	tgt	gtt	att	tta	atg	tat	ctg	gaa	ggc	att	ggg	ccc	tcc	ggg	31574
Leu	Cys	Val	Ile	Leu	Met	Tyr	Leu	Glu	Gly	Ile	Gly	Pro	Ser	Gly	
2880				2885						2890					
gca	tct	cca	tcg	ctg	ttt	gta	caa	ttg	tct	gta	tat	ctt	aga	cgc	31619
Ala	Ser	Pro	Ser	Leu	Phe	Val	Gln	Leu	Ser	Val	Tyr	Leu	Arg	Arg	
2895				2900						2905					
gtt	gag	tgt	caa	ata	gga	cct	ttg	gaa	aaa	atg	cgt	cgg	ttt	tta	31664
Val	Glu	Cys	Gln	Ile	Gly	Pro	Leu	Glu	Lys	Met	Arg	Arg	Phe	Leu	
2910				2915						2920					
tat	gag	gga	gtt	tta	tgg	ttg	tta	aac	act	cta	atg	tat	gtc	gtt	31709
Tyr	Glu	Gly	Val	Leu	Trp	Leu	Leu	Asn	Thr	Leu	Met	Tyr	Val	Val	
2925				2930						2935					
gat	aac	aac	ccc	ttt	aca	aaa	acc	cgc	gta	ttg	ccg	cat	tat	atg	31754
Asp	Asn	Asn	Pro	Phe	Thr	Lys	Thr	Arg	Val	Leu	Pro	His	Tyr	Met	
2940				2945						2950					
ttt	gtt	aag	tta	ctg	aac	cct	cag	cct	gga	acg	gcc	ccc	aat	att	31799
Phe	Val	Lys	Leu	Leu	Asn	Pro	Gln	Pro	Gly	Thr	Ala	Pro	Asn	Ile	
2955				2960						2965					
ata	aag	gct	ata	tat	tca	tgt	ggg	gtg	ggt	cag	cgt	ttt	gac	ctg	31844
Ile	Lys	Ala	Ile	Tyr	Ser	Cys	Gly	Val	Gly	Gln	Arg	Phe	Asp	Leu	
2970				2975						2980					
ccc	cac	gga	acc	ccc	ccc	tgt	cca	gat	ggt	gtg	gtg	caa	gta	ccc	31889
Pro	His	Gly	Thr	Pro	Pro	Cys	Pro	Asp	Gly	Val	Val	Gln	Val	Pro	
2985				2990						2995					
ccg	gga	ttg	tta	aat	gga	cct	tta	cga	gat	tcg	gaa	tat	cag	aag	31934
Pro	Gly	Leu	Leu	Asn	Gly	Pro	Leu	Arg	Asp	Ser	Glu	Tyr	Gln	Lys	
3000				3005						3010					

agc gta tat ttt tgg tgg tta aat cgc acc atg gta aca ccg aaa	31979
Ser Val Tyr Phe Trp Trp Leu Asn Arg Thr Met Val Thr Pro Lys	
3015 3020 3025	
aat gtt cag tta ttt gaa acg tat aaa aat tca cca cggtt gta	32024
Asn Val Gln Leu Phe Glu Thr Tyr Lys Asn Ser Pro Arg Val Val	
3030 3035 3040	
aag taa ataaaccctt tatttaagg atgggttgtt gcggcgtgtt ttttgtcat	32080
Lys	
aaaaacaaga agtttatatga agcaaggga tcgtcagtaa atttcaatga tggacttcaa	32140
aaatcattat gagcatctag aagatggta ataatagtga caaacgtgtg tataagggc	32200
ttgagatgag cagcgcagtc tatggggga atacaggcac acgatggtag caattccag	32260
taaacaacag taggaggtcc atgtgggttg ggattacgaa ccataattat ctgtcttgt	32320
ttataatcct tatcttgcatt gtgtccgtat gtcagataag atgccgtat tgcttttgtt	32380
tccgaattt gctcctgaag actccagttt accggagttt aacggcgatc aaaaacatgt	32440
tcaaaaaaat cgacgtatgt tttctggca gcctccacaa cttgtccggc ccatatgtcg	32500
tataggacat ggtcccatat gcaatttcc tgtatccgtt ctcgaatttt tggtcggtt	32560
cataggagtc ctgaaagacg ctcccttaaa tctcgcgccc cctgacttcg ccatggcactg	32620
ccaactaaat ccggaggcgt gtttgttgtt aaattccaca gccagctcc cgtggcacac	32680
caggtaaatg cgtgagtgta cacaccctcg acccggagta ccgggtccat ggcgggtgtt	32740
aagtttaagac ctatgttaat tcgtaataag cccgtgactg ctcttcgca ggtggccgt	32800
aaatttaagg ccgaacaacg tgcctgatct gaacatacat tgcgctatg taaatcggtt	32860
aagattcccc aaaatccatc ttttatataa gtacatatac caaagccctg ttccaaggcc	32920
gtttgttgcgca cgcaaaggct aatttcattt gctataaaaa taatagctt gtatatactc	32980
gggagttatgt gccgtaaccc cccaaaaaaaaa gacaccaacg cgggttttag gcacccatt	33040
cctcgacgca ttcttagccag gacgatttg cctaattctaa aatgcattggg gaacatagcg	33100
cagtatatcg tggaaaaaaa ggcgctgaaa tcaaactttt ccatccaaacg atcttgcgt	33160
tgtacaggct gtttgaagac ggttagatatc cggccgcgt cccaaattgac agttgcatt	33220

gcatgtccag tatcttgagg gatttgcaca ataagatcct gcacccgcgg aggttaagggg 33280  
 ggatgctgtc cccagggggc tagataatga aaggcctgaa taccggttac tggccacaac 33340  
 ccatccgttt ccatgtacat ctccgtagcc gtgcgaatag attcgacggc tggagttgt 33400  
 gtccgaagag tggtccatcc gggaaatccg acagtacaaa agtagtctct gtcttcaccc 33460  
 ttcggattga gttccgggcc taaatacgca aagattggac ggacaacccc gggttttcca 33520  
 aacgcccggc cgtagcacag tctatatgtt gctaataattt aaaggaaaga tgtaacggtg 33580  
 gaatccgttg ttaaacagtc aaaataacac ggttaagagta cccttaccac aattgcgcga 33640  
 ttgccactaa gaaccaagcg gcgttctca aggttaaaca aatcgaggt ttggccttcc 33700  
 cgctctatacg gggggaaaaa cgtagactta tatttccgac gtatgttaggc ctgggtgtta 33760  
 attacctcca cgtctaaagg tggttggc tggtgtcac cgtagattt aagtgcggc 33820  
 aggccggcgt aggctagcga cgtaccttgc gtgtggcgt tacatgcgct gactgctgaa 33880  
 acatcaatgg ccacggaaaa attagccctc aatactccgg tagatggcgt gttgtcatta 33940  
 ttcaacgcgt gttcatcggt gattgtttt aacagaagac ctgtattcgt atcagtctcg 34000  
 aatgttactg gcgaataaaaa cgatttaaac cctaatacgc gccgtaaagt ggccagggca 34060  
 gtgccatgga gacaacgcca ggtgtctcg ttacccagtg gttcaagggg ccaggcgtct 34120  
 aacgcagccg aggacgcccgc cctgcagata gacgcaaacg ttgccgcaga aacactcccc 34180  
 ccatgcctgg agtagcgaca taaatccctt tgggtacgg taattcggc aaacttaggg 34240  
 acgtatttcc cacatgagtt ttgcataat aagtagtata acacggaaag accgttctgt 34300  
 gttaaattgtc cggactgtgt ccaggatgtg tatatgcttg cggcacaaat gtgtccgctt 34360  
 tctctaacca aggtaatctg cggtgcgtcc atagcttggg tgtggttcag tgcattgtta 34420  
 gaggccctt gtgtgtaca gaggcttagt atttatgtaa cccccctat ggatgtccat 34480  
 atatggtatt aacgggttat aaacttcaa aatttaccgc cccgttatac cgccggccacg 34540  
 atcccgggga cagttccgat agcgctaatt gtagcatggc ttccggcatgc gggccaagt 34600  
 gcatttgatg tgctgaaaaa tacacgtggc gtgcccagc gggggcagta attttgttaac 34660  
 gctgttgaga gaacgaatgg cgctggctca taagcaggtt atacaactgg cggttaggtac 34720

gacatgcaga acgatccacg ttaattgaat caagtaaagt ttctagatct tttttttta 34780  
ggttttcac acgagactt cccggaaagg tctgggtact ttagttacg cgggcgc当地 34840  
ataattgttc ccaaattaaa cgaaatagag caatgttata ttcgtgttt gtagggattg 34900  
gacggaagca ttgattatgg catccatcta agaatccggt tggtcgccaa accgggc当地 34960  
ttaatataat cttagcgtca gtaacgttac agcgcataac ctcaaattt agttgagcca 35020  
gcaaatcccc gtgttattt aaaaatgtat taatgtccgt atccaaaact tgtgttacac 35080  
agcattcggg ggacggattc cacttgagtg ttttgc当地 ataggcaca cggc当地 35140  
gctcccaatg tgtggtaaa ttggggcgg tagttatgt cgcgatgcta aattccccgg 35200  
ttttgtccag gacggaaac caaccggaaag cgtatgtcggt gtatatttt tgaaatacgt 35260  
caaattgttc caacgcttca ggtattcgta tacacgcccc caatattgcc gtattgacta 35320  
gtctaggctg ttctatttgg catgcaaggg cttaatatac tttaatttgt tcttc当地 35380  
taattgactc cataagatac ttccataa acgc当地taat gttatcgcc ataaatccgg 35440  
aaggccaaa atcggtaag cagctgtcat tgccctgtct aagagaacgc atacaggaag 35500  
ctacggcgtt agcgtatgt ctgagatcgt gtatataatgc acaaaattga actggggaaa 35560  
cgtccgttat tggacccatg ccatccaata caacccaaat ttggtagag gccaaaagag 35620  
tttgc当地 attaatgcta tcggctaaac tccaaagaga gcatctctcg aaaagggttt 35680  
tgtatttaaa tcttgc当地 agatgggtgt tcgagcgtgt aaatgcattt gcacatc当地 35740  
gcctaaatgc acagcacagt ttgttagtta ttgggtgtg tgttagaaac cattgaaatt 35800  
tatttgc当地 ggttaagttt agtaacattt gcgagaacag gggtccgcat ctggc当地 35860  
agccatcgac gtacatcaaa acttcattaa gtagcaataa acgtacacgc cctaatgact 35920  
ggtagaccga taccatatcc ggcccatatg acattggctt tatgttaagca aacatgctat 35980  
gaaaatgagc catgtcaaaa ctcaatccaa cggtcacgac ggtatgtac accaacacgc 36040  
gaaaatgttt ccattcgat acattacata gggccgagt tgagttaaa ataagaatag 36100  
agtctgtaaa tattgc当地 aactgagcaa ctagctccga aaacgataaa gttgatgaaa 36160  
atatacagat gttatgccc当地 cattgttaatc gtagtgctag ttcgtcaaaa aatgttccac 36220

gtagttggtg tatgg tacgt acatccctcg ttcaggaga tcgttaatg actcgacaa 36280  
gcgtgtcgat gcccataatca cgcaggatcg tgcaagttct tccggagaac ccaactcccg 36340  
cgtatgtaca cacaattgtg tgtatgttt catctccacg caatccggag attaaatcaa 36400  
taaactgcga gtttactgta gcatccatcg cgataattt agaacagcga tttaaaagac 36460  
gatataatag gctatcaacc gcggaaagac gtctcattgt gggggagtat aattgtccaa 36520  
tcactgacat tacctcatcc agtattaata cgtcgttagct gtcgatagct tcgctggata 36580  
cgcggtagt gcttcaagt tgcacaatca aacgtttaaa acccataata tatgtctcg 36640  
atgtcaaata tgttacgaat ccggagaggc ctgcacatcg aaaccgttga atcaacgtct 36700  
gggtaaagct acggcgacat gagacaacca gtacgcta atctgcctt aacgcgtt 36760  
gaagccactc aagcaaggct gtttttac cagagcccat agggcacgt acgacggta 36820  
ccggcgagt ttgtgacata ccaggttta ttagtttac tggaacatcc aattgcagtt 36880  
ccaggcta at tccgggtgg gtgtgtttaa tccacgaaac cagatccccct ccatataacg 36940  
cccgccgag ctgtgtactg gacgcata gacgcata gacgcata gacgcata 37000  
acatgggaac tcaaaagaag gggccgcgtt ctgaaaaagt ctgcgcgtac gacaccacga 37060  
caccgaggt ggaagcgta gatcatcaa tggatacgct taattggcga atttggataa 37120  
ttcaggtgat gatgttcaact ttgggtgcgg taatgctcct ggctacgtt attgccgcct 37180  
cttctgaata taccggatc cttgtttt atgctgccgt agttgattt gagttattt 37240  
acgccaccct agatgggggg gatatggccg gaaatagagg tggatacagc gccccggtt 37300  
tgttttggaa accacatagc gttgtggcat ttacttacta cacggcttta acggcaatgg 37360  
ccatggcggt atatacactg atcacggccg cgattataca ccgagaaacg aaaaatcaac 37420  
gtgtccggca aagctccggt gttgcgtt tagttttaga tcccacaaca ctttttgg 37480  
gtctttgtc attgtggta ttaaacgccc ttgtgttatt attagcttac aagcaaatcg 37540  
gcgtggctgc tacattat cttggacatt ttgcgacaag tgtaatattt acaacgtatt 37600  
tttgtggacg cgaaaattt gacgaaacga acataaaagc ggtcgaaat ttacgacagc 37660  
agagcgtctt tttatatcgc cttgcgggc ctacgcgcg agtgcgtt aatttgcgtt 37720



cttacacatg ggaaaaat agtatataaa aagtcccgta gattgccat tgttaggtcta 39280  
 ttatataacg tgggtacgt ccgaccgagc gggttatccc tgtcatctgg atcaaaggagg 39340  
 tattttagcac gacatTTAAT ttcaaaaaat gaaatgtcgg tttctgcagg gtggggattt 39400  
 agggtgccag ttaaagggtc cctgtcacat acaagaacgt ccaacgacgc gcctataagt 39460  
 cccgttcgaa cgatcgattaa aagtccacat tcatacggtt cgattcttgg tgtacccaca 39520  
 aggagacttg gagatttgggt attgagcatg tcaaaaattaa aaaacttagt tgtagcttct 39580  
 ggcgttaaat gatcaggagt acggatatca gccggatcta taaacaatgc ttcaactatc 39640  
 gctcgtgccg ccgggtcggtt ggtttcca aacgcccattt ccggccatc accgtatgtt 39700  
 tctgttagtgt tatgggtgta aaaccactga ggtggatga cgggtccaga tacactccat 39760  
 ttaagagttg atgcgggtat taaattcgt ctgagtagtg tccaaatggc attgtcgccc 39820  
 tgaccacgag tctccgattt tattgttaat agaatacggtt taatgtcggtt ttgggttaat 39880  
 ttggatgcta actcttccgg acgcggctcc tgaggctgtt tggacgtctt aaagaacagt 39940  
 gcgttggtag aaccgggtgt tgtgttaggtt acatcatTTG gagactccag agttgttaga 40000  
 attttataca tgtggataa acgaataaaaa atacccgctt tcatcccgac acagtccatg 40060  
 ttcgggtatg tcttctgttag cgtgtctata aatgggttt caacgttaat cgtgttaata 40120  
 tccgtttta caaaagggtg ctgtagacct cccacacggg caattttttt ggctggctgg 40180  
 gggcttatgt cgatcctatc caatcccgat cgtccataa taaagggtga tccgagcgta 40240  
 tttctgaatt atcgtgacac aacaacgatg taacaacagt ggctgggtat aatgaggccg 40300  
 gaatgcgtat gccttcgaaa agctttagt gcgttacgccc gtaacgcact gcgtgacact 40360  
 ggaatatccg gcgtaaagaa ttccggaaa tacgggtttt cagctctccg gcgtgtataa 40420  
 agggattata atttaagtcc ccggggatgt cagatgggag tatatatggc gccaggacac 40480  
 atcgatatgc cagcgatca agcgccaaat ctgggtataa cttatgaccg tagtagtgat 40540  
 aatgcggggt ccgatgtact gaaatggca gttgtccggg aagacgtcct agcaggataa 40600  
 cttctaagag tgcttggccc aatgcataaa gatcaatcgc aagtccaaact ctttggggca 40660  
 aggttccagt atatttagta aggcccgttc catataatata atcaagcaag atttcaggagg 40720

gttggtttgt tccatgactc aacaccaaac gaaatgacat ctgcgatgca tcccgggta 40780  
cgctgtac gtgctccggg tggatggat ttccaacttc aaatatcgct cgagtacaaa 40840  
ggaaatacgt attaatgtt actaggctat agtctccgat tactgctgtg gttatttcca 40900  
acgaggcaaa gttgtcgacg ttaagaaaaa tattgccaca tttcacatct aggtgggtca 40960  
ggccgcacgt tcgattaaa aacgtcaacg cttgagccaa atctaaaaat acatggcaa 41020  
ttttctgtc tatgtgatca ggtattgtca accgtctgga caggcgaaca atgtattcat 41080  
ccatatccat gtcgtatgcc ggaaacagta gctgtttggg ttgtaacgaa aaacctaaaa 41140  
ggcaaactat gctagaataa cctagccitt cccctgctcg tatagaaccc tcactcgcta 41200  
aaatcgcgtt aattaactct ctattaaaaa cacgactgtc catggtttt acagctattt 41260  
ttgacgatgg gtatatatga acacgccccat acgttccccg tcccgcaaac ctgggtctat 41320  
ctcgaatctg taatttagaa aaacataact gttcattgag cgtgaagatg ggtacaatta 41380  
aacgggataa tttggaaatt ctaaaaaccc atgggggattt gttaaattgt ggaaaaacgt 41440  
ccaccctttc gcgttgatgt attggatctc tcgttaagcc gtgcttaat aaaaataagc 41500  
ttgtctgttg tgatcggttct ggtgattcca tgcattgtc agttgacgga ttggccatg 41560  
gatgatttac acatccgtgt gtgggttgg tggattctcg ttcttgctga tcggctgcgg 41620  
ttgcattttgg ttcatgtccg tcggattttgt ggtggaaacg caaaggtcct gcagttggag 41680  
atatttggag gttggggggt gtgtcgtagt catccattgt gtaagtaacg cttcgtagt 41740  
ttctccaaac caagtatgtat tticgttttc gatgttcggc cttaccgcgt cttccagttct 41800  
gtcttatattat tcggattttat cgtttttgtt tttatccaaa ccgcgaataaa aatcggtgc 41860  
tatatacgat ctgtttgtat ttaaaatctg ttgaataactt gtttggcctt caaccttgg 41920  
ttgtatatac cgaatcttct gttcaactga agctatgcga gctgcagagc ggagctggtt 41980  
atttaaatcg gcgcaggcct ctttgcagc agtaaaggca tacacaaatg ctggatcttgc 42040  
tacactcgca cccccacgga ttagatcgag ggtccgttct ttaaataacc ccgcgcgg 42100  
atgcgcctca actagttga cacggttacg cctatgagaa gcgttaggttg gagtgtggcc 42160  
tgacatgacc aaagtgaatg aatgcggccc tgaaaatgtt tatgtatatac acgtaaacgag 42220

tacgtaagat gacgcggctt cctgtttac tgcttacaag agatgaggcg gattccgtga 42280  
attgatgtta aatgtcattg ataatgttg gtcgtacgct tggtaagaa tctgtaagat 42340  
atttgaacg tctaaagcgt cgttagggatg aacgcittgg gacgttggag tcccctaccc 42400  
cgtgttccac gcggcaaggg tctctggaa acgcaaccca aatcccgtt ctgaatttg 42460  
ctatagatgt aaccgcacgt catcaggccg ttattccgg aattggaacg cttcacaact 42520  
gttgtgaata tattccactg ttctcgcta ctgctcgacg ggcaatgttt ggccgtttc 42580  
tatcgtaac agggtacaac tgtacccca atgtatgtt gaaaccatgg cgatattcgg 42640  
taaatgcaa cgtaagccct gaattaaaaa aggctgtcag tagtgcacag ttttatgaat 42700  
attcaccgga agaagcagca cctcatcgaa atgcgtatag cggtttatg aacacattc 42760  
gcgcgtttc tctgtcgat agttctgtc agttgtctac cttcaccaa cggtttcgt 42820  
accttgcga aacatcttt gagagtattg aagagtgtgg aagtcatggc aaacgcgcaa 42880  
aggttgcgt tccaatctat ggcagatata agggacgtt ggaactgttt caaaaaatga 42940  
tcctcatgca caccacgcat tttatticat cggtgctatt gggcgatcat gccgacagag 43000  
ttgactgctt tctgcgtaca gtgttaaca cgccaagtgt ttctgacagt gttttagaac 43060  
acttcaaaca aaaatcaact gtgttttgg taccacgtag acatggaaa acatggttc 43120  
ttgtaccatt aatagctta gtaatggcca cgtttagagg aattaaagtg ggttatacgg 43180  
ctcatatacg caaagcaacg gaaccgtgt ttgagggtat caagtctcgc ctggaacagt 43240  
ggtttgggc aaattacgtg gatcatgtaa aaggcgaatc tattacgtt tcatttacgg 43300  
acgggtctta cagcacagcg gtgtcgcgt caagtcacaa cacaaacgtg agtgtttat 43360  
aaatttaacc ttatatatat tactgtaaat gttgacatat accttccac aacggcgggt 43420  
gagtttaaggat atactaggtg gtttaggtt ccggttcacc cgataatctt tgtgtctcgg 43480  
ggaagcaaat tcgctgaagc agaccacagc cgtaataat agcccgctt aatgtttctc 43540  
caaacatata aagctgccac ccagatgaat ttactggtagc agagagacca ctggcgttgg 43600  
ttcccgctat aacgtcgcca agatttgccg taatgcgagg attttagta ctcgttaattc 43660  
gaatgcaggt ggtgacatct acaaaaagaa cctgcgtggc gccaatgtct acctccactt 43720

ttaattcccg ctgaccggcc tttctccaca tacacggagc ccaacacaca caacccttcg 43780  
catgatttgt gacatgggt aacgcataca gtcccccac gtgaactcta tgattacatt 43840  
catcacatcc gtccgcatgg ctgaggagtc gatttaatac agagccaagt atccgagcat 43900  
gccatccggc gggacatagc cctattaaat taggttccat agccagtaca tataaacgcc 43960  
ttcgttcgtc tgaccaccac actccggag aaataactt acatgcgtat ggattttcg 44020  
gaagccgcgg gggtgtaag tagttgctt agttggcgt tggtgtaaga tctgcgggg 44080  
tgggatctgc tcgaggatcc ggaatagatg ttggaagggg gtacgcgatc gggttctaa 44140  
acgttgctcc aaaaacatgg tctatgttt caaccggata aattctaaa gtcgcgtca 44200  
ttgcgtacga gacctcgtaa ttaaaattt caattacatg aaaagtcttc ggaggttaagt 44260  
tcatctgacg tggcgcgtg atgtaaattt tggctacaac aacggcaata ttagtagtat 44320  
ccgtttaag gggataaac ggagcgatcc ttaaagttt aaaagcagtt gatgcattt 44380  
tttcacccg gggatcggtc aggatggact tccataatcc catatccagc gttaatgcatt 44440  
cgcagagtct ctgaactgcc tcgggggtt attgcgcgc tgcaccgtt gcgggttaca 44500  
gcggaaatat gcgtttaat tccatgagca gaaaaacagt ctagcgatt gccgcccggg 44560  
tacttgtgg tttaatgcca cccacccgt tattttat ttaagaggg ggtggaaacg 44620  
ggagaaatga cgtaaaatta catatgaaga gattctggtg ttatgtttt atagtgacac 44680  
taatttattt atgggggtt ggaatagaga agcagaatct gtctagaata ggtccgattt 44740  
acgatgcagg tagtgctgcc tgttaggtat cgtaataca aaaacatgcc gcaaattcccc 44800  
ccggtaaaac taaaatggat tgtaattgct ggttaatcc tagacaaatg tacgcgttaac 44860  
attgaccggg taaatacttta gaacaaattt caatatcaac aatatccgctt ctgcgtataa 44920  
atttacccct cagttgtgtt gaattacca taccaacctt ttcttaaggct acgggaacgg 44980  
ggaccttgga aagcttaagt atttccctc ctgaattata atagtcaaat aaatataatag 45040  
aacgattacc taaccagcat gggaaaggaa cgtgaaggta gggtatatac ccccacctt 45100  
gtggtcgtt atatacagat gacagatacg cccaaaccgc atacatcaag gagctgttat 45160  
aaaacgcattc cattgacatt tccgttaaca ccgaaactat agtctgaatc aggtctgggt 45220

tgccggctac aatttcatca ataaccgttt ggaaagaatc tgcaatatca tattccatga 45280  
gttgtttag agtcgggttc gtttctaact ccgttataag accttgggtt agcgatgtca 45340  
cacacgctt tttaaatacc tggtttaaaa acatttcggc gcctggttt aaggcggta 45400  
agggggttt attatttagg acgttagcca aaaacggtaa acgcgcgact agctttggc 45460  
gagctgtcac atgttaggcct tgggattgt caacccggc atttatacac gcagcatcaa 45520  
taatagcctg tgcagagtga tataaaattt gacttccggta aatacgtcct ccccaggcag 45580  
aggatccgtt gtaagatact acaatcaacg gactggggga ttctgcgtaa tgtcgcgta 45640  
caattgatag gggacgcccgt ttccagaaat ctgctggagt gtccccgcta actaattggg 45700  
cataacagat gtcgaaccat tccataagac tttggggttc tgtcgaagct gggtaaaca 45760  
atagaacgtc ttgttaaagggt gggatgctgg cggacgaatt gttttcttt cccgtaaatc 45820  
gcccttgtcc aggccgctca aggacgccat caaaggaacc gttattgatc ggatctgtgt 45880  
tggaagttt cgctccgtgg cccttgcac tttgaagcaa cccagatgca acgcgggaac 45940  
tagaaggtcg gacggggtgc ctggagttaa caatgttac ggcccgttt attagctcaa 46000  
ggacgtcccg attatttcc tgtatgcgtg tttcagcagg ggagtcatca atacctccag 46060  
aagttaactg tcgatcaaga tcgattatgg atgaaacggg tccaatattt tccccatttg 46120  
acgtgtgtga ttcacccatg gctgccacca tatgctctgc gtatatttt atagacgatg 46180  
caagacgagg ggtgcacatgg atatacgaa tcagctgtt gcataataaa agtaccggtt 46240  
gtccatcagc aaaataacgc gttccgttt ggatttagttc tgcatacata atacaatata 46300  
cacggtgctt gcgggttcca gtatttattt gtatcgctac aacgttaaat gcatcaaaga 46360  
ataaaccggg gctaagataa acaggcaatg ataaaatcaa tccccctgaa ttatgcgtgg 46420  
ccgaaaaaac gtgtgaaaca aatggttccg ttttggat taagagatt gttaaggcgt 46480  
tatcggttgcgtt gtacgcggcg aaaacttgac accacggttc gcattgaccc ttagcatgat 46540  
atcttggat tacttcaacc ttgaagcgtt gtccgggtt cttaaaaatc agtaatgcgg 46600  
gatctattcc ggccgcaata agcccccgt taggtatcac aacgtgttagt aatccctttg 46660  
tgtgtatcatt atgcctaaagt gcatgtttgg ttcatattgc caaatggcgt tccattatac 46720

accggatatg gttgtactgg aaaaaaaaaaa gaaatatgtc cgtattcaaa catttttac 46780  
gtacgtggta tttaaggata catttaaact ttgggtgggt aactatataat ctttctatcg 46840  
ttccagggtta tccgaggtca agattttaat cttctgtttg tggatgaagc taatttatt 46900  
cgacctgatg ctgtacaaac tatagtcgga tttttaaatc aaaccaattg taaaattatt 46960  
tttgcgttcat caacaaatac cgaaaaagca agtacaagtt ttttgtataa cttacgtgga 47020  
tcgtcgatc agttgttaaa cggtgttaca tatgtatgcg acgatcacat gccgcgtgtt 47080  
tttagcacata gcgtatgtcac agcttgcgt tggttatgtat taaataagcc gggtttcatc 47140  
acaatggatg gagccatgct ggcactgca gatttattt tggccgactc cttcgtgcag 47200  
gaaattgttag gtggcgtaa acagaattct ggggggtgtgg ggtttgaccg gcccattattt 47260  
acaaaaaactg cccgtgagag gtttatttta tatcgccgt caaccgttgc gaattgtgct 47320  
atattatcgat cagtgttgcgat cgttacgtt gaccctgtcat ttacctaata tacacgagcg 47380  
tctggtactg gtgttagcgat tggtggcgt tataagtcgg attggattat attggatttg 47440  
gagcactttt ttcttagagc tttaactggc acgtctcca gtgagatagg gcgtgcgtt 47500  
actcaatgct taggccacat actcgctta cacccttata catttacaaa cgtacacgtt 47560  
tctatagagg gaaacagcag ccaggattct gcagttgcca tatcggttgc tatagcacaa 47620  
cagtttgctg tcctcgaaaa gggaaacgtg ctatctccg ctccagtggtt actgtttat 47680  
cattccatac ctccccggatg tagcgtggcg taccctttt ttttattaca aaaacaaaaaa 47740  
acgcccggccg tagactattt tgtaaacgta tttaactccg gaaatataat agcctcacag 47800  
gagcttgcgtt ccctaacagt aaagtttaggt gtagaccccg tggagtatct atgtaaacag 47860  
ttggataacc tgacagaggt aattaaaggc ggtatggta atcttagacac aaaaacttac 47920  
acgggtaaag gtaccacggg aacaatgtca gatgatctga tggttgcatt aattatgtcc 47980  
gtgttatattt gcagttcatg tataccggat tccgtgtttt tgcctattaa ataaaaacaa 48040  
gacgcgtgaa atgttaacttag actgggtgtt tttttattaa cacctgtttt cacttgaatc 48100  
acggccgtgc ggtctcccg atgaacagta gagggtccat caaacacaca gacgcgtaaa 48160  
atgcgcgag ttcccaaggt atccccagtt ctagatgtatg ttgatatcca agataaaata 48220

gtttcatata tggaaatcg gcgatggccg tcttgaatcc gcggcattgg cggtatatta 48280  
 attaactggc cggttctct aacgcaattg gccgttgta tcaataaatt tacataaccg 48340  
 tcgtgtgctc cttggactaa caaagttgga atcagcgcca ataaaagcag acatccctcg 48400  
 tttatggaaa acattagatt taaaaccaat gtgcgaatag ccgcattccga tccgtcccga 48460  
 tggtgtaaat ttgttcgag ttcataacgc ctccattgt aacaaatgac atccgcgcct 48520  
 cgtagaacctt cgtgggtaa aattttagca cccgcggccg tgcgctcaac ggcccggtca 48580  
 accactttgg ccatgatttc tcgcattaag gtctggggga tggttaaagg gaaaacaatt 48640  
 tccagtccta cagagtccaa gcgaatttag tctgcggacc cgaaaaccgg aggaagtaag 48700  
 cagatgtaat cgccattaca aagatcaacg gggatgtat tttgaataaa caaccgggt 48760  
 gtaggagtac ccacgccaat ggcatgcgcc aacaactttc ccggatgac ccgtgttata 48820  
 actgcccgcga atcgcatcgt gtatgcctct aacagcgaga gcgtgtctgg tggagcaccg 48880  
 ttaatgtaat atgacgacag cgctatatcc accagtgaag ctcgatgacg cagggttgag 48940  
 aaggtataaa ttttccctc acatttctgt aatgcagatg tttccgcgg ggatagttct 49000  
 cctggtaaca atacctctat ctcaaattggc atagccatgt tggttaagga agcgtgaaac 49060  
 agaccaagtc ggccgagcgt atccaaatct caagtaagat gccaatgcgc tctacaggc 49120  
 ttttattggg agtgggtatg tggcggttgt gaaattatcg cggaagagga agacatcccc 49180  
 taagggcga cgcgtctcga atcagatatt gggctaagtg aacttcatct gccccgggtt 49240  
 ctcccgctgt agccgttcgt aacatggccg catcgcttga gcatagtgggt ggatatgc 49300  
 ctgtaaaaag gcccacacgga tcctgtgtca tttcggtaga accgggaggg cgttaaatt 49360  
 gatattcagt gtcgggtggag ctttgcgacg ccacagcctt tgcctccatt agaagccgat 49420  
 ccagtgtatt acaatttagtg ttaacctccg ctgggttaaa aaacttaaag catggctgt 49480  
 agataggaga agccctgtta aggttgtatg ttccgttgta tagcctgtca ccgtatgaat 49540  
 gttttgtga tgcccatggg ttaagagttg ctcgatctgt ataagcaaca tccgatttg 49600  
 tgtgatcaaa cattatagcc tctatgtcgg cgtcacggc acccatatat aacattccag 49660  
 atgctcgacc tctaggattg catgcagttc taaaatattg tagtcagtg gacaccggca 49720

tggccacaaa ctcacacaca gaggcttgcc ctcgtcaat tcctgccat gtagcaggac 49780  
 gtagtccgcc gaagatgggt aggggttcgg tgggatttaa gcgacccccc gatgctgtta 49840  
 tacgacgcaa cgattcgta acgttatcat gtaacattgg cactcctcct cgtaaaaaaa 49900  
 aaagatttg ggcagtattg cccatatccg tgagagggca tcgcagggct gctgtggcac 49960  
 atacagctgt atacccgact cccaggtcca cgtgagctct gggttgggtt aggtaaagt 50020  
 ttacccccc aatagcatca tcatgggtga ctggatttg tccgacaaag tacgatttag 50080  
 aagcacgctc ggcataaaaa agttgctctg tggcaaagcg atcctggcgc actacggtaa 50140  
 aggcaatccc ggggtgaaat cccggtcgta gttgatgtgt aagagatatt ggtgtaaact 50200  
 taaaatacc tccaagaaga gaatatgtaa gagtattaaa atccgactta ctatgcgtta 50260  
 catggtaggc aacgggttgg cgtatagttg cgtggtggtt ggctcccaga aaaggaggg 50320  
 ttggtggtac cattttgcc aaaacccgcc tagcatttgt cattccacgc aatgatgcca 50380  
 aatgttccgg acatgcaaac agagggttga ccggaacggg ataaaaaaaaa gtaccggtt 50440  
 caatggtttc atcgtacgcc tcatatgcc tcataataag gccatggtaa agcgctccgt 50500  
 catatattct catattctg gttgttgcgg tggcggtc cgcacgggg ggcgttgata 50560  
 ctaaaatggc cgtcggtcgt tcagccatat ctcccaattaa ctcttgtagt gtgagcaatg 50620  
 catcaccatc aacggttagg tgtgcattat ggaagtaaac gttaagagag ttggAACGA 50680  
 gttggtggtc gtgaagaggg tgtcttgat cttctgggt agttgggct tttcatcag 50740  
 cggaaatttc cggaacgata actgcctgtc acgcaggta taggcgtca taacgcacgc 50800  
 ccattgtaca acaggaaccg cggaaaaatg caggaatgac aatatagtag taaatcttgg 50860  
 agagaatacc ccattcacgg tcatgggtgtc gagtaatggg aataccctga cccgtgtc 50920  
 cccgaacggg tctccgtgg attaacacat tatcggtcg ttggaaatgg tggccggcca 50980  
 tatccacaaa gtgaagggt tggtatccgt ttcggccgt tacacgaatt gcggggagtc 51040  
 ggtctcggtc ggcttcatca cggtatatta acgcacatcaca atcccataga ataggtgca 51100  
 taaacgtgtc atccgtaaagg atgttattta gcgcattccga ggtctcgccg ttatggccct 51160  
 ctccttgat tgaaaaatcg gttatagttt ggctaatgc tcttacatgc tgcagtaaat 51220

cccgatatat attaatacag acttcggaa gctcaccgtt tccgagatat gtagttatgt 51280  
acattaacat gtgaaagtta tttacaatg ccaccctgtg ggattgctcc caataccgc 51340  
gaatacacgt tgttaacagt cgcaactacg cacagaagtt tccttcgttt ccatgaataa 51400  
cagcctctag catgtagaaa atagttgggt atgcgcggtc ttcaaattgtt tccttacgg 51460  
cttaatggt tgccggggtc attgtatgtc ttcccaaacc gagttgggtt ccgcgacagt 51520  
ctcgaaatga aatgggacat agaggcacgg gaatgtttcc gttgataatc cgtaatgtt 51580  
cgtaacggt tggcatggct tccggggac gctgcggtcc gggaaaggct acgtccccg 51640  
gtgcaacaaa aaaatcaaag gcggggtta attcaaacct tagacgcggg ttgctcggag 51700  
ctataaacgt tagaattgtt aaatgttcgt ttacccaatg agggtgatga ggcatacat 51760  
ctgcccacgt ttccataaac ctccccattt gaacatccaa tgtgtcctct gtaccctcgg 51820  
ccacgtatac accaaaataa cactgacgat ctaaatgttg ttggcggagg gcaacaagt 51880  
tggcctcgac atcaagcaat gaactgtggc agatggtacc cattgcatca cgaagagtca 51940  
actgtgttaa tatccatct ttattataaa aaaaaatccc ttggggtgga aattgacgt 52000  
gatcctgttc ggatacagtt gaaaaatcgc cggcgtgtcg tgttatctg tccatggagt 52060  
ttgcctgaaa cactccatt ggcataatc acgttatatc tatattcca ataagaggg 52120  
aggcaacgacg cgtacgttgg tagacccgcc gttctaattgc ttctaagaat acaagttt 52180  
ccccaaacaat cactaaatcc gcaggaacac gggcgtaac cggaagccca gctgtcgtt 52240  
aatcggagtt ggattgtggg ggtatagacg gtatgttaa cgtgttaggg tcggttat 52300  
caaggagatg gcgggctaca tcatccattc cgccggacggc ctccatc acaagggcgg 52360  
ttaccaagtt tgtccctgt agaaccattt cgccatatgt tactggtacg tcagcggcgg 52420  
tgtcgtcaat ttgtaaaatt ccctgtataa gttgccgtt taaggttgct gttgttacca 52480  
acacaccgtc aacctgccgt ccgcgaggtgt ttgtatgagt tattcgtgat accatcaccc 52540  
atggttgggt gcacgaaacc atatccgaca gatacgcaga gatcagccta gttccctgg 52600  
cgtgtcgggt cataaaaaac atatccgac agactctacg tttgagggtcc gaaagttaggg 52660  
ccgcgcgtgc aacacgattt agatgtccct cgggttggaa tttattaatt ggtgaaagca 52720

gcgatagcgg tggggcttc tccaatagaa caccaagaag ttgatcgca gtgcctcg 52780  
caaatgagtc caaaacggtg cgtaaattac gagccatctg ttggatagct cttatacgta 52840  
acgatgagtc aatctctgtc ccatcgacat atgtgttact taacaaactc aacgcttccg 52900  
atgcaattgc aaacgcagcg cttaacgaac gcttgtgtat ccgcttaacc atataattat 52960  
gaacaggctg atcgacggga tgtggccat cacgtgctat catgggttgt tgtaccta 53020  
attgaataac gccatctcgc acgtaagcca gctccggaaa ttttagtacag atgcaagcga 53080  
cagacagtcc aagttctaga aaacgcacaa agttaatgt attgcagtat gtccccaaaa 53140  
gaatatcgaa ttgagccgag taaaggctgt tatcatctga tcgtatttgt ttaaaaaaaat 53200  
caaaaatgca acggtgtgca cacacctcta tggttgacag cacatttcca gttggaatga 53260  
tccccgctgg gatgttaat aacccagcaa tacgatcaga ttccgttgta gtaatcacgt 53320  
tagcgggaca tgaaaccgtt gtcattttgt cagcagcgtt gcgacttgaa tccggacgtg 53380  
taaacgtgtg cgggaacaag aaaactgcga gaagtttgat gtagagtggaa acatatgtat 53440  
gggtgtttcc aagtaacacg ggggcggtaa ttataaatac ccaacattat ttttagactg 53500  
aacaattata gtacatttat tgaaatggac taaaacgaaa tagattttt taacataaca 53560  
cggaacccaca cccttggccc aataaaggat accgtgtcca ccaaacagtc catagcgtaa 53620  
ataactgccc ccattaccag taacacggct ggacttggac cccacgacac aggaagtatt 53680  
tttgaacgc tatctggaaa aataacctca cttgcaagt gtccggtaat caaaaagaac 53740  
accgggtgt ctataaaaag agtataatac gccgtaatac aaaatagcat tggtcgagtc 53800  
acaacaataa ttccaaggcag cagttgctgg gatgttagata aggtagcag gtctgatcgt 53860  
atatttctgt agacacacaa taacataata ataagtcgaa agtgatgtag aatcgtcaga 53920  
agtaacccgg ctgtgaataa gagcatacag cgtgtcgctt tatagtaaaa aaaaaagaag 53980  
atacaacata ttgggtgaat caacaccgtg gatataataat aaaacacgga gtgttgcgta 54040  
aacgccgacc tgtttacggt agatgtgcgg gtacatgcag agcttaatag taagtccgta 54100  
tcaccccat acgataacat aaccatggtg ttataaagcg gtgaattatc actggattta 54160  
cacactttg cgtcctcttc ggggtgctgg ttaaccataa cgctaagcaa gtccttgc 54220

tgttccgaga cgccggcttg gggtgggttc ataacgttca gtgcagttt atagtccaaa 54280  
 gtaaaaaatgt tgacaaagtt aaagccgatc ctgttattat gtagaatata ccccgccctga 54340  
 cagactgtta taacaccctc tctaaatgtt tacgtatgtt tggaggcatgt cacatagctg 54400  
 acgtgctaaa cggttaggagg tgtggtgtat tggattgatt ggatctttc atatgacgtt 54460  
 aatgataccca cggtgtttt aatgttgcg tgttagttata tatttctcat attcggtgtg 54520  
 gacctaaggt tggcgatcac acgatcacgg gacggcaagt tcgaggtaa tggccgata 54580  
 aacgcttaa t atg gaa ttt cca tat cat tca acc gta tct tat aac 54627  
                   Met Glu Phe Pro Tyr His Ser Thr Val Ser Tyr Asn  
                   3045                  3050                  3055  
 ggc gta acg ttt tat ttt aac gag cgt gct acc agg gcg tat ttt 54672  
 Gly Val Thr Phe Tyr Phe Asn Glu Arg Ala Thr Arg Ala Tyr Phe  
                   3060                  3065                  3070  
 ata tgc ggg gga tgc tta att tcc ata ccc cgc aaa cat gga ggc 54717  
 Ile Cys Gly Gly Cys Leu Ile Ser Ile Pro Arg Lys His Gly Gly  
                   3075                  3080                  3085  
 gag atc gca aaa ttt gga cat gtt gtt cgc ggg gtc gga ccc ggt 54762  
 Glu Ile Ala Lys Phe Gly His Val Val Arg Gly Val Gly Pro Gly  
                   3090                  3095                  3100  
 gac aga tct gtt gcc agt tac gtt cga agt gag ctc aat cgc acc 54807  
 Asp Arg Ser Val Ala Ser Tyr Val Arg Ser Glu Leu Asn Arg Thr  
                   3105                  3110                  3115  
 ggg aag aca tgg gcg gta tca tcc aat aat aac tgc gtg ttt ttg 54852  
 Gly Lys Thr Trp Ala Val Ser Ser Asn Asn Asn Cys Val Phe Leu  
                   3120                  3125                  3130  
 gat cga gtg gcc tta ctt gca gcg gga tcg ggg gcg gtg gat cgc 54897  
 Asp Arg Val Ala Leu Leu Ala Ala Gly Ser Gly Ala Val Asp Arg  
                   3135                  3140                  3145  
 gac ctt tgc gga aca ttt gat gtt gaa gtg gag gac cct acg ctc 54942  
 Asp Leu Cys Gly Thr Phe Asp Val Glu Val Glu Asp Pro Thr Leu  
                   3150                  3155                  3160  
 gca gat tat ctc gtg tcc ctc ccc gtg acg cat tta aca ttg gtg 54987  
 Ala Asp Tyr Leu Val Ser Leu Pro Val Thr His Leu Thr Leu Val  
                   3165                  3170                  3175  
 gcg ggg gta gat gtt acg cgc gag aat aag cta aaa ttg ttt cca 55032

Ala	Gly	Val	Asp	Val	Thr	Arg	Glu	Asn	Lys	Leu	Lys	Leu	Phe	Pro		
3180															3190	
aca	ccc	acc	gcc	att	aat	acc	aca	aat	ggc	ttt	atg	tac	gta	cca		55077
Thr	Pro	Thr	Ala	Ile	Asn	Thr	Thr	Asn	Gly	Phe	Met	Tyr	Val	Pro		
3195															3205	
aac	gaa	gcc	agt	ttt	tca	ttg	gtg	tat	atg	cgt	atg	ttg	gag	tta		55122
Asn	Glu	Ala	Ser	Phe	Ser	Leu	Val	Tyr	Met	Arg	Met	Leu	Glu	Leu		
3210															3220	
cca	gaa	agt	ttg	cag	gag	cta	gtg	agt	gga	tta	ttc	gac	ggg	acg		55167
Pro	Glu	Ser	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Ser	Gly	Leu	Phe	Asp	Gly	Thr		
3225															3235	
ccc	gag	ata	cga	gac	gcg	ctt	aac	gga	agt	aac	gac	gat	gaa	aaa		55212
Pro	Glu	Ile	Arg	Asp	Ala	Leu	Asn	Gly	Ser	Asn	Asp	Asp	Glu	Lys		
3240															3250	
aca	agt	ata	att	gtt	agt	cgg	cgc	gct	gct	gat	gtg	gtt	acg	gaa		55257
Thr	Ser	Ile	Ile	Val	Ser	Arg	Arg	Ala	Ala	Asp	Val	Val	Thr	Glu		
3255															3265	
gac	gta	aaa	gca	gat	gat	gtg	ccg	att	tgc	ggt	gaa	ccg	tat	tct		55302
Asp	Val	Lys	Ala	Asp	Asp	Val	Pro	Ile	Ser	Gly	Glu	Pro	Tyr	Ser		
3270															3280	
gag	aaa	cag	cct	aga	cgg	cgt	aag	aag	tcc	gat	cat	att	aca	cta		55347
Glu	Lys	Gln	Pro	Arg	Arg	Arg	Lys	Lys	Ser	Asp	His	Ile	Thr	Leu		
3285															3295	
agt	aac	ttt	gta	cag	att	agg	acc	atc	ccc	cgg	gta	atg	gac	att		55392
Ser	Asn	Phe	Val	Gln	Ile	Arg	Thr	Ile	Pro	Arg	Val	Met	Asp	Ile		
3300															3310	
tgg	gat	cct	cgc	cat	aaa	gcc	act	act	cat	tgt	atc	cgc	gcg	tta		55437
Trp	Asp	Pro	Arg	His	Lys	Ala	Thr	Thr	His	Cys	Ile	Arg	Ala	Leu		
3315															3325	
tca	tgt	gcf	gtt	ttt	ttt	gcf	gac	gag	gtt	ata	ttt	aaa	gcc	aga		55482
Ser	Cys	Ala	Val	Phe	Phe	Ala	Asp	Glu	Val	Ile	Phe	Lys	Ala	Arg		
3330															3340	
aaa	tgg	cct	gga	ctt	gaa	gat	gaa	ctt	aat	gaa	gcc	cgt	gag	acg		55527
Lys	Trp	Pro	Gly	Leu	Glu	Asp	Glu	Leu	Asn	Glu	Ala	Arg	Glu	Thr		
3345															3355	
ata	tat	act	gca	gtt	gtt	gcf	gta	tat	ggc	gaa	cgg	ggg	gaa	ctt		55572
Ile	Tyr	Thr	Ala	Val	Val	Ala	Val	Tyr	Gly	Glu	Arg	Gly	Glu	Leu		
3360															3370	



Glu Pro Tyr Phe Ala Gly Arg Arg Tyr Ile Ala Tyr Leu Gly Ala		
3555	3560	3565
cta ttt ttt ggt aga gtg cac caa aca cca ttt ggg gac ggg aaa		56202
Leu Phe Phe Gly Arg Val His Gln Thr Pro Phe Gly Asp Gly Lys		
3570	3575	3580
aaa acc caa agg tag tgtgtattat tcgcgaataa agtattgttag agaatacgtt		56257
Lys Thr Gln Arg		
3585		
tatagtgact ttttattata catgttttt atgtcagagg tattttatta tattctcgaa		56317
ggcgggaatt tccacataac atccatccga taataccaaa ccccactacc gccagaaacg		56377
ccccctcctaa agaggccccca aggtattgtc ccgacattcg tatggcttgt cgtcggtcgaa		56437
atcctagaag cggttaccaca gttccgtttg gaaacaacaa cacagcctta gagtcatccc		56497
cgtcatgtc tggattgaag ggtgaaatttggagttcc catagcggct agttgtcgaa		56557
ctgttatcttt gctgtcaata ataatttat ccataatcgc ccccggtt agatacctaa		56617
aaaaaacact tccgcaatac aaacattctt ttaaattgtc cggtatgggc agtgcgaccg		56677
tctctatgac accatgttca gacacgcaag tatccctgct taaataaaca acggatatgg		56737
ggttatatac atccacatct gccaggaaat ataccaaacc ccttgaggt ttgtttcgaa		56797
taatcacata actgtgtccc tggacagctg gaagaatgag cacatattct ccgttacgca		56857
cggtcgatc ttgacacgta aatacttctg gtacatgggt gtggagtata tgcaaatctt		56917
tggcagtcca tgtggtaaaa atcatcatgg tttaaatgc cgcgtcgaat atttcagatt		56977
cgtctagttt ggtatgcaat acctcgtaa gtccctggcg tgggttattt ggcgacaggaa		57037
gattcataac atgaatctct tccgtgaggt ctgtacgaa ggaaccata caaggactgt		57097
atacgtttgg tattgtaaac atgtgttttgg aaggattaa gtatgccagg cttcttgta		57157
tgttaagtgc tgcttcgtg gcgtgagctg cgtacacat ggatgtcatt aaaagcaaaag		57217
ttgtgcgacc gtctaatacc cgagatgaat ttcttagtcc ttgcggaaa ttataaaaaa		57277
tcattgaggc aaaaaataaa gcctgcctct ctgtacattt taaattttgc ttccacaagca		57337
gccccttgtat tatgctcatt ataacacgcc tggcgagaga aagtgcattc acatggtctt		57397
gaccacggga aagcgcgtat gcggcttta gttgatcact ggcttcatca tatgaaataa		57457

aataatcgac atttgcgggt tttacctgac caaaaagaag tgaaagttcg tcatgaagct 57517  
 gcgatggatc ggcaaagatc agatccgagg ttccggatat agtgttgga tgagctcctg 57577  
 ctcctatccg cattaaaatg taattaagga attttaattt atactgaaca tctacgatct 57637  
 catctaacag aaaatattct gtggtacggc ccatttccga caacgcaaaa attgatgtgg 57697  
 ctattcttgc ggcgatatgg taatagctt cctcggttat gtcatgttga tccgcctcgt 57757  
 ttgtcatccg cagagcctcc gtgtggcca tggataaatg atagcgtaa tccaaactct 57817  
 cttcgggata tgcgcatata tcgaccgtag catgcttga aaaattcata tccaaccac 57877  
 gtccaaagtaa ataaactcga taagatggcc ccggatccgg acccggtgga tttagctgga 57937  
 accatgtggt gtcgcttgc accgcgttca gttttactgt atgtggtaa acaattaatt 57997  
 ctatcggtgg tccagaggat aaagaaatga gcgagctcat aaatcctaca ccaatattta 58057  
 cttccacacg acccgagtcg ctgtgagaa gcaccgaacc ggtggcccag tatcgaattt 58117  
 gccataccga cccaaaaagg ggaacgtgta ttctcaacgt tgagttggta ataattgctt 58177  
 cggcagaaaa aaaagtatgt cgggcaaggg catcccatgt agcaaaatgc gctttatgtt 58237  
 ccagaatagt attcttgggg actgttggc gagcggtaa aagacttacc ccaaacggcc 58297  
 tttctgcagt tgctgcggc tcagctttt ccaaatgccca tacaaggggg tttggtgga 58357  
 acgttagaaa cgcaacaaga tggcgtag ttaaatacgg cgcaaacgaa ctgtcaaaga 58417  
 agctcacgtc ggggtgtcaca ggggtgactaa gaaatccaaa acgtccagca ggaaacgggt 58477  
 ctgcgtgttc tgcttgaaa tggtatggcg ataacaagta tttggaaat ataaccagcc 58537  
 cgacgtctcc ttctgtgtt gtagggtaa ccttaacaat aaccaagaaa acgtgtttc 58597  
 tatcatttcc ccagtgaagt gatTTatga gttttcatc gaaaccagta ggataaaagg 58657  
 cttctaattt cagagacata ttacggtcgg aatattctcg tagaagagca gacatatgtc 58717  
 cgatagagcg agtcgcaggg gttgggtta cgtaaagatt attagccgtg gtccaaagag 58777  
 gaagaattac caccgctaaa actagcgcaa acatagtcgc tgttacttgc gctacaat 58837  
 cacccgcaacg ttatgcacac agcgtgcctt taccctcct cacccaccaa caggcttggc 58897  
 ggcttttaat attaccactc cgtttttaggg agataaaggc gggattaaag gatgtggtaa 58957

taaatgacgc atatataaaa aagaaaaaca cgtacacgca agtatgacaa tgtgtatcat 59017  
 cttttactg gtacatacgt aaatactagg tatatttagg aagtgttgtc ctgaacggca 59077  
 ttaacaagct cttaaatat attccatgca ccggaggaca tgtttgccgg ggtcatctgg 59137  
 ggttagcagag ttttagttc ttgtgccgca tgctgggtg tctgttctaa cgataatacg 59197  
 aacggagaca tgttcgtga gcagttgaa agggctcca ttccccatgc ccataacggc 59257  
 agaatatttc caaactctcc gcaaagctcc ggaagttaa gcacggcgaa taacgtgtct 59317  
 tcaatcccag gtacttcgca tagtttata cactcgatt ttgttaattt ctgttaat 59377  
 acatcattac aaaatgacag tgtgtccag cccgcgtgcc agttgttagt tttaagaaat 59437  
 ataattgtat taataagcat tatatacaca tttctcagaa ccataacaaa cggcagatta 59497  
 accgtttctc ccggctctggc ccgttgctt actctggata aatgactggg gagtgaaacg 59557  
 gtacaaacta ccaagttggt cccgggggt tcagcggaa gcgtaaacaa taaccagga 59617  
 agcgccgctg gggacatatac tcccactaag tatctggaca agggaaaaca tatagtttag 59677  
 gcgattgggt gtcggctgga taacataatt ttatacggct ctttatttac ttgtacgaga 59737  
 tccgatgtac ttgtgtccat caatgccgag atttcgcat gcataattgc atgcggagaa 59797  
 cagaacaggc tctgaaaatg agccgtgagg cgttgtgcgt cttcaggcga aacgtctcca 59857  
 ttaagacggc gagttgtgt tccgtaaatt ccgcaaatgg cgtccccc tgcaaggta 59917  
 cgc当地acg acaggggctc cccaatgagt aagatccggt ttgggttat tgcaaagtgg 59977  
 tgtaaaaatt cttcgccgca ggttgtttt ccaattccat acgccccgtc caaataaata 60037  
 cgcaaaacgc ccattttac atcggtttt tccgttgaca tgttattgt agacaaacgc 60097  
 gtcttaggtt atcttctggg acggaacttc aaat atg tcc gct agt cga att 60149  
 Met Ser Ala Ser Arg Ile  
 3590  
 cgg gcc aag tgt ttt cgt ttg gga caa cgt tgc cac act cgt ttt 60194  
 Arg Ala Lys Cys Phe Arg Leu Gly Gln Arg Cys His Thr Arg Phe  
 3595 3600 3605  
 tac gat gta ctc aaa aag gat att gat aac gta cgt cga ggt ttc 60239  
 Tyr Asp Val Leu Lys Lys Asp Ile Asp Asn Val Arg Arg Gly Phe  
 3610 3615 3620

gcg gac gcg ttc aac ccg agg ctg gca aaa ctc ctg tcg ccg tta	60284
Ala Asp Ala Phe Asn Pro Arg Leu Ala Lys Leu Leu Ser Pro Leu	
3625 3630 3635	
tcc cac gtg gat gtt caa agg gct gta cgc ata tca atg tcg ttt	60329
Ser His Val Asp Val Gln Arg Ala Val Arg Ile Ser Met Ser Phe	
3640 3645 3650	
gaa gta aat ttg gga cgc cga cgc ccc gat tgt gtt tgt att ata	60374
Glu Val Asn Leu Gly Arg Arg Arg Pro Asp Cys Val Cys Ile Ile	
3655 3660 3665	
caa acg gaa tcc agt ggt gcc gga aag acc gtt tgt ttt ata gtg	60419
Gln Thr Glu Ser Ser Gly Ala Gly Lys Thr Val Cys Phe Ile Val	
3670 3675 3680	
gaa tta aaa tct tgc cgt ttt agc gct aat ata cat acc cct act	60464
Glu Leu Lys Ser Cys Arg Phe Ser Ala Asn Ile His Thr Pro Thr	
3685 3690 3695	
aag tat cac cag ttt tgc gag ggt atg cgc cag ctg agg gat acc	60509
Lys Tyr His Gln Phe Cys Glu Gly Met Arg Gln Leu Arg Asp Thr	
3700 3705 3710	
atg gct tta ata aag gaa acc aca ccc acg gga tct gat gaa ata	60554
Met Ala Leu Ile Lys Glu Thr Thr Pro Thr Gly Ser Asp Glu Ile	
3715 3720 3725	
atg gtg acc ccc ctc ctt gtg ttt gta tct caa cgg ggt ctg aac	60599
Met Val Thr Pro Leu Leu Val Phe Val Ser Gln Arg Gly Leu Asn	
3730 3735 3740	
ctg tta cag gta act cgg tta ccc cca aag gtg att cat gga aac	60644
Leu Leu Gln Val Thr Arg Leu Pro Pro Lys Val Ile His Gly Asn	
3745 3750 3755	
ctt gtt atg cta gcg tcg cat ttg gag aat gta gcg gaa tat acc	60689
Leu Val Met Leu Ala Ser His Leu Glu Asn Val Ala Glu Tyr Thr	
3760 3765 3770	
ccc ccg ata agg tcc gtt aga gag cga aga cgt cta tgc aaa aag	60734
Pro Pro Ile Arg Ser Val Arg Glu Arg Arg Arg Leu Cys Lys Lys	
3775 3780 3785	
aaa att cac gta tgt tct ctt gcg aaa aag cgt gcg aaa tca tgc	60779
Lys Ile His Val Cys Ser Leu Ala Lys Lys Arg Ala Lys Ser Cys	
3790 3795 3800	
cat cgt tcc gct tta aca aag ttt gaa gaa aat gca gct tgt ggg	60824



gcc	aaa aat gat gca ccg	ttt cag tac gat aca	aac ttt caa gtg	61427
Ala	Lys Asn Asp Ala Pro	Leu Gln Tyr Asp Thr	Asn Phe Gln Val	
3980	3985	3990		
gat	ttt atc acc ctg gtg	tac ttg gga agg gca	agg ggc aat aac	61472
Asp	Phe Ile Thr Leu Val	Tyr Leu Gly Arg Ala	Arg Gly Asn Asn	
3995	4000	4005		
tct	cca ggg att gtt ttc	ggg cca tgg tat cgt	act ctg cag gaa	61517
Ser	Pro Gly Ile Val Phe	Gly Pro Trp Tyr Arg	Thr Leu Gln Glu	
4010	4015	4020		
cgg	ctt gtg tta gat agg	ccc gta gct gca cgc	gga gtt gat tgt	61562
Arg	Leu Val Leu Asp Arg	Pro Val Ala Ala Arg	Gly Val Asp Cys	
4025	4030	4035		
aaa	gac ggg cgc att tcc	cgt acg ttt atg aac	aca acg gta aca	61607
Lys	Asp Gly Arg Ile Ser	Arg Thr Phe Met Asn	Thr Thr Val Thr	
4040	4045	4050		
tgt	cta cag tcc gcc ggg	aga atg tat gtt gga	gat aga gcg tac	61652
Cys	Leu Gln Ser Ala Gly	Arg Met Tyr Val Gly	Asp Arg Ala Tyr	
4055	4060	4065		
tcc	gcg ttc gag tgt gcg	gta tta tgt tta tat	tta atg tat agg	61697
Ser	Ala Phe Glu Cys Ala	Val Leu Cys Leu Tyr	Leu Met Tyr Arg	
4070	4075	4080		
aca	tct aat agt gtc cac	gaa cct caa gtt tcg	tcc ttc ggg aac	61742
Thr	Ser Asn Ser Val His	Glu Pro Gln Val Ser	Ser Phe Gly Asn	
4085	4090	4095		
ctt	ata gag cac cta ccg	gaa tat act gag aca	ttt gtg aat tat	61787
Leu	Ile Glu His Leu Pro	Glu Tyr Thr Glu Thr	Phe Val Asn Tyr	
4100	4105	4110		
atg	aca aca cac gaa aat	aaa aac agt tat caa	ttt tgc tat gat	61832
Met	Thr Thr His Glu Asn	Lys Asn Ser Tyr Gln	Phe Cys Tyr Asp	
4115	4120	4125		
cgt	cta cca cgc gac cag	ttt cat gct cgt ggg	ggg cggttat gat	61877
Arg	Leu Pro Arg Asp Gln	Phe His Ala Arg Gly	Gly Arg Tyr Asp	
4130	4135	4140		
caa	ggc gcc tta acg tca	cat tct gtt atg gat	gcg ctt ata cgg	61922
Gln	Gly Ala Leu Thr Ser	His Ser Val Met Asp	Ala Leu Ile Arg	
4145	4150	4155		
ttg	cag gtc cta ccg cct	gca cct gga cag ttt	aat cct ggg gtt	61967

Leu	Gln	Val	Leu	Pro	Pro	Ala	Pro	Gly	Gln	Phe	Asn	Pro	Gly	Val	
4160			4165			4170									
aat	gac	att	att	gat	cgc	aat	cat	acc	gca	tat	gtg	gac	aag	att	62012
Asn	Asp	Ile	Ile	Asp	Arg	Asn	His	Thr	Ala	Tyr	Val	Asp	Lys	Ile	
4175			4180			4185									
caa	cag	gcg	gcc	gcg	gcf	tat	tta	gaa	cgg	gcc	caa	aac	gtg	ttt	62057
Gln	Gln	Ala	Ala	Ala	Ala	Tyr	Leu	Glu	Arg	Ala	Gln	Asn	Val	Phe	
4190			4195			4200									
ctt	atg	gaa	gac	caa	act	cta	tta	agg	tta	aca	att	gac	acg	att	62102
Leu	Met	Glu	Asp	Gln	Thr	Leu	Leu	Arg	Leu	Thr	Ile	Asp	Thr	Ile	
4205			4210			4215									
acg	gcg	tta	tta	tta	tta	agg	cgc	tta	tta	tgg	aac	ggg	aac	gta	62147
Thr	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Arg	Arg	Leu	Leu	Trp	Asn	Gly	Asn	Val	
4220			4225			4230									
tac	gga	gat	aaa	cta	aaa	aat	aat	ttt	caa	ctg	ggt	ttg	att	gtg	62192
Tyr	Gly	Asp	Lys	Leu	Lys	Asn	Asn	Phe	Gln	Leu	Gly	Leu	Ile	Val	
4235			4240			4245									
tca	gaa	gca	aca	gga	acc	cct	acc	aac	aat	gta	atc	ttg	cgc	gga	62237
Ser	Glu	Ala	Thr	Gly	Thr	Pro	Thr	Asn	Asn	Val	Ile	Leu	Arg	Gly	
4250			4255			4260									
gcg	acg	ggg	ttt	gat	ggg	aag	ttt	aaa	agc	ggt	aat	aat	aac	ttt	62282
Ala	Thr	Gly	Phe	Asp	Gly	Lys	Phe	Lys	Ser	Gly	Asn	Asn	Asn	Phe	
4265			4270			4275									
caa	ttt	tta	tgt	gaa	cga	tat	ata	gca	cca	ctg	tat	acg	tta	aat	62327
Gln	Phe	Leu	Cys	Glu	Arg	Tyr	Ile	Ala	Pro	Leu	Tyr	Thr	Leu	Asn	
4280			4285			4290									
cgg	acc	aca	gag	ctg	act	gaa	atg	ttt	cct	gga	tta	gtt	gct	ctt	62372
Arg	Thr	Thr	Glu	Leu	Thr	Glu	Met	Phe	Pro	Gly	Leu	Val	Ala	Leu	
4295			4300			4305									
tgt	tta	gac	gcg	cat	acc	cag	ctt	agt	cgt	gga	agt	tta	gga	aga	62417
Cys	Leu	Asp	Ala	His	Thr	Gln	Leu	Ser	Arg	Gly	Ser	Leu	Gly	Arg	
4310			4315			4320									
acc	gta	ata	gat	att	tct	tct	gga	cag	tac	caa	gat	cgg	ctc	ata	62462
Thr	Val	Ile	Asp	Ile	Ser	Ser	Gly	Gln	Tyr	Gln	Asp	Arg	Leu	Ile	
4325			4330			4335									
agc	tta	att	gca	ttg	gaa	tta	gaa	cac	cgc	cga	caa	aat	gtt	aca	62507
Ser	Leu	Ile	Ala	Leu	Glu	Leu	Glu	His	Arg	Arg	Gln	Asn	Val	Thr	
4340			4345			4350									

tcc	cta ccc ata gcc gcc	gtg gta tca ata cat	gac agt gtt atg	62552
Ser	Leu Pro Ile Ala Ala	Val Val Ser Ile His	Asp Ser Val Met	
4355	4360	4365		
ttg	caa tat gaa cg <sup>g</sup> gga	ctt gga atg tta atg	cac caa ccg cgt	62597
Leu	Gln Tyr Glu Arg Gly	Leu Gly Met Leu Met	His Gln Pro Arg	
4370	4375	4380		
gta	agg gc <sup>g</sup> gca ttg gaa	gaa agt cgc cgc ctt	gcg cag ttc aac	62642
Val	Arg Ala Ala Leu Glu	Glu Ser Arg Arg Leu	Ala Gln Phe Asn	
4385	4390	4395		
gtt	aac agt gac tat gat	ctt cta tat ttt gtc	tgt ttg ggt gtc	62687
Val	Asn Ser Asp Tyr Asp	Leu Leu Tyr Phe Val	Cys Leu Gly Val	
4400	4405	4410		
att	cct cag ttt gcc tcc	aca ccg tga gtattcacta	tccggccgt	62734
Ile	Pro Gln Phe Ala Ser	Thr Pro		
4415	4420			
ggggtgttta ta atg gct gct	gaa gct gac gaa gag	aac tgt gaa gc <sup>g</sup>	62782	
Met Ala Ala Glu Ala Asp Glu Glu	Asn Cys Glu Ala			
4425	4430			
tta tac gtg gct ggg tat	tta gcc tta tat tca	aag gac gaa ggg	62827	
Leu Tyr Val Ala Gly Tyr	Leu Ala Leu Tyr Ser	Lys Asp Glu Gly		
4435	4440	4445		
gaa tta aat att acc cca	gag att gtg cg <sup>g</sup> tcc	gct ttg ccg cct	62872	
Glu Leu Asn Ile Thr Pro	Glu Ile Val Arg Ser	Ala Leu Pro Pro		
4450	4455	4460		
act agt aaa ata cca ata	aac atc gat cat cga	aaa gac tgt gtc	62917	
Thr Ser Lys Ile Pro Ile	Asn Ile Asp His Arg	Lys Asp Cys Val		
4465	4470	4475		
gtg ggt gaa gta atc gca	atc att gag gac ata	cgc gga cct ttt	62962	
Val Gly Glu Val Ile Ala	Ile Ile Glu Asp Ile	Arg Gly Pro Phe		
4480	4485	4490		
ttt ttg ggt atc gtt aga	tgc cct caa cta cat	gcg gtg ctg ttt	63007	
Phe Leu Gly Ile Val Arg	Cys Pro Gln Leu His	Ala Val Leu Phe		
4495	4500	4505		
gaa gc <sup>g</sup> gcc cat tcg aat	ttt ttt gga aat aga	gat tct gta tta	63052	
Glu Ala Ala His Ser Asn	Phe Phe Gly Asn Arg	Asp Ser Val Leu		
4510	4515	4520		
tct ccg cta gaa cgt gc <sup>g</sup>	tta tac ttg gtc aca	aat tac tta ccc	63097	

Ser	Pro	Leu	Glu	Arg	Ala	Leu	Tyr	Leu	Val	Thr	Asn	Tyr	Leu	Pro	
4525						4530					4535				
tcc	gta	tcc	ctg	tct	tca	aaa	cga	ttg	tcc	ccg	aat	gag	ata	cca	63142
Ser	Val	Ser	Leu	Ser	Ser	Lys	Arg	Leu	Ser	Pro	Asn	Glu	Ile	Pro	
4540						4545					4550				
gac	ggt	aat	ttt	ttt	acc	cat	gtt	gcg	tta	tgt	gtt	gtt	gga	aga	63187
Asp	Gly	Asn	Phe	Phe	Thr	His	Val	Ala	Leu	Cys	Val	Val	Gly	Arg	
4555						4560					4565				
cgc	gtt	gga	aca	gtg	gtc	aat	tat	gac	tgt	acc	ccg	gaa	tct	tca	63232
Arg	Val	Gly	Thr	Val	Val	Asn	Tyr	Asp	Cys	Thr	Pro	Glu	Ser	Ser	
4570						4575					4580				
att	gaa	cca	ttc	cg	gtt	tta	tcg	atg	gaa	agt	aaa	gcg	cg	tta	63277
Ile	Glu	Pro	Phe	Arg	Val	Leu	Ser	Met	Glu	Ser	Lys	Ala	Arg	Leu	
4585						4590					4595				
ttg	tcg	ctg	gtt	aaa	gac	tac	gcg	ggt	tta	aat	aaa	gta	tgg	aag	63322
Leu	Ser	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Ala	Gly	Leu	Asn	Lys	Val	Trp	Lys	
4600						4605					4610				
gtt	agc	gaa	gat	aaa	ctc	gcc	aag	gtg	tta	tta	tcc	aca	gcc	gtg	63367
Val	Ser	Glu	Asp	Lys	Leu	Ala	Lys	Val	Leu	Leu	Ser	Thr	Ala	Val	
4615						4620					4625				
aac	aat	atg	ctt	tta	aga	gat	aga	tgg	gac	gtg	gtt	gca	aaa	cgt	63412
Asn	Asn	Met	Leu	Leu	Arg	Asp	Arg	Trp	Asp	Val	Val	Ala	Lys	Arg	
4630						4635					4640				
aga	cgc	gaa	gcc	gga	att	atg	ggt	cac	gtt	tat	ctt	cag	gct	agc	63457
Arg	Arg	Glu	Ala	Gly	Ile	Met	Gly	His	Val	Tyr	Leu	Gln	Ala	Ser	
4645						4650					4655				
acc	gga	tat	gga	ctt	gct	cg	ata	acc	aac	gtt	aat	ggg	gtg	gag	63502
Thr	Gly	Tyr	Gly	Leu	Ala	Arg	Ile	Thr	Asn	Val	Asn	Gly	Val	Glu	
4660						4665					4670				
tct	aaa	tta	ccc	aac	gcg	ggt	gtt	ata	aac	gcc	aca	ttc	cac	ccc	63547
Ser	Lys	Leu	Pro	Asn	Ala	Gly	Val	Ile	Asn	Ala	Thr	Phe	His	Pro	
4675						4680					4685				
ggc	ggg	ccc	ata	tac	gat	ctc	gcg	ttg	ggt	gtt	ggg	gaa	tca	aat	63592
Gly	Gly	Pro	Ile	Tyr	Asp	Leu	Ala	Leu	Gly	Val	Gly	Glu	Ser	Asn	
4690						4695					4700				
gaa	gat	tgt	gaa	aag	act	gtt	ccg	cat	tta	aag	gtt	acg	cag	ttg	63637
Glu	Asp	Cys	Glu	Lys	Thr	Val	Pro	His	Leu	Lys	Val	Thr	Gln	Leu	
4705						4710					4715				

tgt	agg aac gac agc gat	atg gct tct gta gca	ggt aac gct agt	63682
Cys	Arg Asn Asp Ser Asp	Met Ala Ser Val Ala	Gly Asn Ala Ser	
4720	4725	4730		
aat	atc tca cca cag ccc	ccg tcg ggc gtt cca	acc gga ggg gaa	63727
Asn	Ile Ser Pro Gln Pro	Pro Ser Gly Val Pro	Thr Gly Gly Glu	
4735	4740	4745		
ttt	gta ctg ata cct acc	gcg tat tat tca cag	ctg tta acc ggg	63772
Phe	Val Leu Ile Pro Thr	Ala Tyr Tyr Ser Gln	Leu Leu Thr Gly	
4750	4755	4760		
cag	act aaa aat ccg cag	gta tca att gga gct	cca aat aac gga	63817
Gln	Thr Lys Asn Pro Gln	Val Ser Ile Gly Ala	Pro Asn Asn Gly	
4765	4770	4775		
cag	tat atc gtc ggg cca	tat gga tct cca cac	ccg cct gcc ttc	63862
Gln	Tyr Ile Val Gly Pro	Tyr Gly Ser Pro His	Pro Pro Ala Phe	
4780	4785	4790		
cca	cct aat aca ggg ggt	tat ggt tgc cct ccg	gga cac ttc ggg	63907
Pro	Pro Asn Thr Gly Gly	Tyr Gly Cys Pro Pro	Gly His Phe Gly	
4795	4800	4805		
gga	ccg tac ggg ttt ccg	gga tat cca cca ccc	aat cgt ttg gaa	63952
Gly	Pro Tyr Gly Phe Pro	Gly Tyr Pro Pro Pro	Asn Arg Leu Glu	
4810	4815	4820		
atg	caa atg tcc gca ttt	atg aac gca ttg gcc	gcc gaa cgg ggt	63997
Met	Gln Met Ser Ala Phe	Met Asn Ala Leu Ala	Ala Glu Arg Gly	
4825	4830	4835		
att	gac ttg cag acc ccg	tgt gta aat ttt cca	gac aaa acc gat	64042
Ile	Asp Leu Gln Thr Pro	Cys Val Asn Phe Pro	Asp Lys Thr Asp	
4840	4845	4850		
gtc	cgt cgt cca gga aaa	cggt gat ttc aag agc	atg gat caa agg	64087
Val	Arg Arg Pro Gly Lys	Arg Asp Phe Lys Ser	Met Asp Gln Arg	
4855	4860	4865		
gaa	ttg gat tct ttt tat	agt ggg gag tct caa	atg gac gga gag	64132
Glu	Leu Asp Ser Phe Tyr	Ser Gly Glu Ser Gln	Met Asp Gly Glu	
4870	4875	4880		
ttt	ccc tca aat ata tat	ttt ccc ggt gaa cca	acg tat ata acg	64177
Phe	Pro Ser Asn Ile Tyr	Phe Pro Gly Glu Pro	Thr Tyr Ile Thr	
4885	4890	4895		
cat	cggt aga cgt cga gtt	tct cca tca tat tgg	cag agg aga cac	64222

His	Arg	Arg	Arg	Arg	Val	Ser	Pro	Ser	Tyr	Trp	Gln	Arg	Arg	His	
4900					4905					4910					
aga	gtt	tct	aat	ggt	cag	cac	gaa	gag	ctt	gct	ggg	gtt	gtg	gca	64267
Arg	Val	Ser	Asn	Gly	Gln	His	Glu	Glu	Leu	Ala	Gly	Val	Val	Ala	
4915					4920					4925					
aaa	ctg	caa	cag	gag	gtt	aca	gag	cta	aaa	tca	caa	aat	ggg	aca	64312
Lys	Leu	Gln	Gln	Glu	Val	Thr	Glu	Leu	Lys	Ser	Gln	Asn	Gly	Thr	
4930					4935					4940					
caa	atg	cct	ttg	tcg	cac	cat	aca	aat	ata	cca	gag	ggg	aca	cgg	64357
Gln	Met	Pro	Leu	Ser	His	His	Thr	Asn	Ile	Pro	Glu	Gly	Thr	Arg	
4945					4950					4955					
gat	cct	cga	ata	tcg	att	tta	tta	aaa	cag	ctt	caa	agc	gtt	tcg	64402
Asp	Pro	Arg	Ile	Ser	Ile	Leu	Leu	Lys	Gln	Leu	Gln	Ser	Val	Ser	
4960					4965					4970					
ggg	cta	tgc	tca	tcc	caa	aat	aca	aca	agc	acc	cca	cat	aca	gat	64447
Gly	Leu	Cys	Ser	Ser	Gln	Asn	Thr	Thr	Ser	Thr	Pro	His	Thr	Asp	
4975					4980					4985					
aca	gtt	gga	caa	gat	gta	aat	gca	gtg	gag	gcg	agt	tcc	aag	gcc	64492
Thr	Val	Gly	Gln	Asp	Val	Asn	Ala	Val	Glu	Ala	Ser	Ser	Lys	Ala	
4990					4995					5000					
cct	tta	ata	cag	ggg	tcc	acg	gca	gac	gac	gcc	gat	atg	ttt	gca	64537
Pro	Leu	Ile	Gln	Gly	Ser	Thr	Ala	Asp	Asp	Ala	Asp	Met	Phe	Ala	
5005					5010					5015					
aat	cag	atg	atg	gtg	ggg	cgg	tgt	taa	ccaaacaata	aaagtattac					64584
Asn	Gln	Met	Met	Val	Gly	Arg	Cys								
5020					5025										
attcataaaaa	ggcgtgtttg	gtttttttt	ttttgttaag	cggtgtcgtg	ttaaacaaac										64644
agaaggcggt	tttatgggtg	gtaagggttt	atttaagtta	aatttaatcg	gtgtcagaat										64704
cttcatcccc	tgtatgatggt	tgttctcggt	ctggaataat	atatggcgcc	atccatttt										64764
cctctgggt	atccggaaac	acacgcggga	tgcaaacc	tcgacc	cggtat										64824
gtgccagtga	aatatgacgg	ccccctggac	atgtgtttaa	gtagtcgtat	tggctgtcgc										64884
ggtaaggcg	aaaaggttc	gttgcacatg	ctcgacaggt	tagctgtccc	acagaacata										64944
cgtctcgaaa	tgtaccgtcg	cgggttaatt	gtaccggcgt	gtgttcta	ctatcttcat										65004
aaatcgccgg	gggagaatct	tttactgttt	cattgagact	tgaagcgcac	tgtttggacg										65064

gatgatgtgc gatagacgac gggttgtgtc gcgcgttaat gtttagacgt tccataataa 65124  
ccccgttaag atatcggttg cggttagaggt acaaaaacgct ttttgtatat tatcggttat 65184  
aaataccccc tgtgatgcgt aatggagaca catgagtaac gtaatacaca tttttattaa 65244  
taaattaaaa caaaccctt ggctatttac acccccgta cattctcggt gcgaacacgg 65304  
gagtatcctc ggcatattcg taaagcaagg ccggtaagac gtgaagttaa aaggcgcta 65364  
gtcttatttt ttttcgggc tttagattct tggcgctcag ccgcagatac taacgtcata 65424  
tatattaatca tttcctggc ttctcgaaat ttatcggtat caaaccgct atttaccgac 65484  
ggttcagtgt tttgtgagtc gccaatttct tctattgggg tatcagtagc gttgggttc 65544  
tcggcaaagg gatccattcc ttccggtaac tggttaacc cttgggtgt gagtggtat 65604  
aatgccttca tcgggcttgc tttaagttt agcacgtacc ggtacgcaaa aaaggccgct 65664  
accagtcccg ccaaaaccaa taatcccacg gccaatgccca caaatgggtt agataaaaac 65724  
gtggtaatc cgtgtacggt ggaaaggcagc gctcccggtt ccccaagaac cacatgtcca 65784  
acggcctggc ccgcggtccc aagtccctgg aaaaactgag ccatgccctg cataatggcc 65844  
gttccgctat catattgcac aacttgtct atgtcataaa aacgcagcga atgcattga 65904  
tttcggcgtt gaatttcaact gtagtctagt aatcctgtat cccgcagctc gtctttgtat 65964  
tatacttgca gcggcataaa ctctctatct ttaagaagtg ttaagttaa atctacgtaa 66024  
gtgctaattca ttcccacatc atggactgctg atttcacggc cgtaacgata atcctcataa 66084  
tatacgtatg gatgccaaa tagaaaatat cgcttgtat tagccacgca tggttctaac 66144  
agatctctgg acataattaa ctgcgttatct gttccaagct ggccctccac cgtcccgac 66204  
ccatttaaac taactattga aattaaagga cggctataac aacgcgtatg actaccagat 66264  
accctcatag agtttgaag tataatgcgt gtatctgatc ccagttctgg acaatttagaa 66324  
acggagataa cgtcgccgag aatacgagct ttaacacgtt gatccaaaat ggtgctcgct 66384  
aaagcacttg ggttaattgg aaatagtccg ctccaaaggg cgcgttcgctg attttgtatc 66444  
tggcaccacg acgaggagat acgtgccaac atttcattaa catgctttg aatgtggta 66504  
tatgtaaact ggagcatagc aaattccacc gatgaggtgg ttgttattgt tctattggca 66564

cgcaactcaa ctggcacgct tcgtcggat ctggatttc gagtcgggtg ttttgttgt 66624  
gaatgattag tgtttcacg gaccaattct tggagataga gacggcgag ggaattgctc 66684  
agcaggggtt gaaacaccac aacaaacccc cctctggcaa ggttagtctg gatatccccg 66744  
gttctaacat gagatgagtt gtatctggtt gtatagatcc ggttaataat agccgggct 66804  
tcctcctta cacattgact gagatggatt tggtaagat taaactcggt tggactt 66864  
ataaacgtgg tagaaagtgt tttcatgtt aagcgaaaat tgtgtgcata ctcacgcga 66924  
actacgtctt caacctcacg ccacttgaca agcgaacaaa cttccgttcg tttggcttc 66984  
cagttccaac caaccgttaa atgaggcgtg actaaaaagt tccgcgtgc aggttccagt 67044  
aatgctctag tgtcaagatc cctttgtcta taaccctcaa actggtgaaa acgatccatt 67104  
gcataattgg aatgttctct gtatgcacca tcccgtaggc caaaaaacgg ggacatgtat 67164  
attatatctc ccgtggaaag tccaaaacta tcataaggga attatgtatc ggcttcaact 67224  
tcctcaatga tgcaattcac cgacgtgccc gtcctatatg ttccgggggt tccggcaacc 67284  
atgtacgtgt cattggtagt atgccatgct ttggatccca cagaattata tttgatgctg 67344  
attagaggca tatcctgtgg atttttatcc tcattaaagg cttcaactt gtggttattt 67404  
cgtacgtacg ttgcattttaga agaacacttgc ccaaacttat caatgggttc cgtgatctct 67464  
gaaacggaa ttggtagccat atccgcatat ctattagtaa ttgcgtata agaacttccg 67524  
gcccacgccc tgctaacgt aacatcttgc taatataccg tcgccttaaa cttgtacgct 67584  
gcaatgttt cttataaac aacagcaata ccctctgtaa agttttacc aaggtgataa 67644  
tccggacatg tccgagttgg ttctaatcgt acgattgtgg agcctgttgg cggggcag 67704  
acgtaaaacg tgggtttgt ttcggcgtcc tggacttgcgt gtatagcttc tctgattca 67764  
tcaccatcgc ccagatgagc agaccgggtt atatcttgc attgtgtgg ctctacttgt 67824  
aaactctcat aaaacgagct tggagagacc gacacaaccg ccgtaaacaaa catagaaaat 67884  
atgcataaaaa agcataacca caccccgta acggaggtt tgaaaacgccc gggccgttg 67944  
aatccggagc cagccgctgc attagggtgt atagaagaga aaaaacgtct gaatcgtaga 68004  
ttacgacggt attctggcgtcc atccctgttt ctccactttg aataatagcc acaaggggac 68064

atgtttcttc gtacgttaaa taaatgccgt ctaagggtcc gtgggaactg cctataacctt 68124  
taggttgaga cgtgcacccg cgtggatcct tacctagacg gtcaacgcga cataaccgca 68184  
cctccccaca atggaaaaca gaggtgaata gtgtggttgc aaacacaagc tccctaata 68244  
atttccaggc aagtctctgt gcaaaaagtaa cgcccttctac cccagaaaaag caataaaagc 68304  
ccctaaatgg actgagaagc cagtttggAAC caacgacacc gcccataaac ttggcaatt 68364  
cctcttttaa gtgcggaaat aggccaacgt ttccacgggt aaaaaataag gcggtgttag 68424  
ggggttgtgc aaaacggtgt tcatcgat taaacaatgg gccgttgacc aactcaaaaa 68484  
atttatgtgt aagtgcaggt aacatagccg catctactgt atgtcgaact aaggtattcc 68544  
ttataaatct atgtcatca aaggccgctt cctgaatgcg attgtcgata atacaccctg 68604  
cctggaaac cttagctaaa aacacgttcc gtgcggccaaa cccatttgc atcgaaacaa 68664  
atgtctgcaa taaggcctct ccataaacgt ttaccctgag tggttttct agctcttggc 68724  
gctgttcgca gatacatcta ccgaggctgg ttagagagcg cttagacaga tggtcaagat 68784  
atactcggtt tcttccgca gcgtcaattt ttgctttggta acaggttt tcccattccat 68844  
gaacagcaaa agttatgcta ctatcatcg tcaagatcaca ttccggatgct gtagcgctgt 68904  
cactcgctc ttggtaaa tcattccac acccaactct ttctaaaagt tggcgtaagg 68964  
cggttcgtt atcatgactc gggtagaaaa tgtgacgcat gagaggcgac gatagatgat 69024  
ggcataaca ggcttaatt aatgcttcta tctgactgtc tggtgaggat gagcgattgc 69084  
caaccaaaat actatcaatt gcatccagag atccgagttc ttcagaaaaac gccctatcaa 69144  
agtgtatggg agttttcca aataacgcca actcaaccgt tacggctgta agttctgcgt 69204  
gttttcatg ttgtttaat acatccaaat tatcaacaaa cacgtctaaa gtacgttggg 69264  
gtccttcagt ggaatttagac gttaccaga attaagctc gctgatggcg tacatacacc 69324  
gaggggcagg ttaaaaaca ttataagaat caagcatggt gctcgcaatt tcgtatgtt 69384  
ggtaaacacgt atcggttctt gctccatgg gattgactac cgtctgggt tgaagtgttc 69444  
gtacgttc aacggcggat tgacgttga tatccggtaac atcagggata tatggtaaac 69504  
accgaataat atcgtaaca tccacgttaa cccgaacttg cttagtaacg tgatgcaga 69564

tacatcctaa taatctacga tgtaaggct caccttgggt agctgtata cataattctt 69624  
caaaaacatat agcacatgga tgcgccggat caaacaactc cacgggtggt attagaccgc 69684  
ttcctatagt atctgtcata aaccgcgtca cggttccaa tgtgttagc gcctcacgag 69744  
aagacgtgat aatatagcag taattaagct gttttaaaaa attctcaatg tcgtgtaaaa 69804  
actgaatttc actcgatacg taaccccggt atgttggtaa cgacagctca tggtgatatt 69864  
ggcaggttt taagttaaac gctgagacaa agtaatctt gatacagttt gagtccttag 69924  
tctcaccata aacaaaacgc gttttaaaat gtgttagcaa ctcaaacaac cgctcacctt 69984  
ctcccattac ataacataat gcccaatgca gtgcacaaac cgtgggagtg tttccaaatt 70044  
ttagctgggt attaaatccc cgagaaaca gctttaataa ataacgaact gtcaaacagt 70104  
tagccgctaa ccgatataaa aagcgacacg ccacccttgg atcacatcga cgttagcatt 70164  
caacctgaaa gatgtacgta taaacttgac ccagtagaac caacaatgtt cgattaatat 70224  
ccaattccat gttatcgggc tgttactgtc cactggactg taagctgaat gggtggagac 70284  
acactatatt acaggtcata tggtaagga ctacacacaa aaaaagaaaa cacaacagaa 70344  
tatgtaatat tgacttggtt attacgtaca ctcacccgac tgtggcatt aattggataa 70404  
agagggaggt taaatcattt ccattgtaat gttcccatgt tttatggaa taccactaag 70464  
atcaaagagt tcgtcatctt cggggggtcg tttaagacca gggacagttg accctgaaat 70524  
gtttgaccct gaaatgtta atacgttgc tgtgggtca tggcttggtt cacaagaatc 70584  
aaaattaaat gctaggttt tgggggttc cccatctccc gctgtcggtt tttcatctag 70644  
aatctttact gcttcttagag cgccttctac ggtccaggac gtttccaggg tttggataat 70704  
ctggcgtgt aactcctcca agtctctggc taaaaactca tcgtctgtaa gacttaacca 70764  
gtcgtcaaat gccatatgtt gtgctcgagc gcccaactgca cgccacaacccg tggcgtatat 70824  
ggctaattga accatggccc cgccactgac aattataccg cgaacttggtt cggatagggt 70884  
ggtttctcga ttccccgacg agggacctgt tacggggcag ataaaacctc ctctaggaca 70944  
tgctattata aaacggcgag tgcgatcaa tgtaaatagc gggcatacat ttttacccccc 71004  
gtttaaacccg ctccaaattcc ctgcctgaaa gacgcgggtt tttccctgccc ctccgtata 71064

tttactaatg cttattccta aaacgaccat gggacgttga ttcatggccg cgccggactaa 71124  
atgagttgaa gtaaaagccg tagtccataa ttccggtaag tttccgttt tttcaagaag 71184  
cgcccttgct tgggtttcta tgtccgcggc ggacgtgaca tccttacgaa tccaatgcaa 71244  
aacggatgat gggtcacgcf ggcgcctggc acccgtaatt atagaagtta aggtatttat 71304  
aaggtaactgt gaatgatcgc agtatttaag aataagattt gccatataaa actgggctaa 71364  
ttctcctatg caggttgggg gtagattaat aaagtttatt gctgcatatt cctcggtaaa 71424  
cggttaaca gctgcaatag tggtaatctc ttctgtgtta agtttatctg ccggcatctg 71484  
gttgcgttgt aacagggtcc aaaaccactg cgggttgggg gatttactgt ttgggtggcat 71544  
acccccggaga aataacaggc cgtgaaactg ttaagcaaa aaccctaggg ccccggtaa 71604  
catatccact ctttttctt ggcgttggta cgcacttgca aggcctacaa gccttgcccg 71664  
ggctgcctca gagagatttg tacagtacc tgaaaaaacg accctatttt taactcgat 71724  
atccccgaata acttccacgc ttacgcgcgc taaatccccca tcaaaggtagc gccccgcggg 71784  
cgcgtcttgt cccaatgtcg gatttggggc ggatacagga ctttcagata atgttacggt 71844  
tatagagcgt gttgatataa accccccatt aaacaggtca acaaaacgcc gccgcaaaac 71904  
agggttggaaat tggtaacgaa agttccgccc ctcaacttgc tgtccgtaaa atacacaatg 71964  
acattggctt aatgctaagt ctgttaccac ggcttaggtgt gttcgttaa ctaaaaaattt 72024  
ggtaatggga caaaatgctc ctgagttatgg atcaaacgtt aacgcccattg aatgggtggc 72084  
ttcggataat cttcacgga tcttataatc gcgggtctca accaacactt tcataaattt 72144  
tgggttgc tggtaatc acgcacgcag tggtaat atgcgacgaa acgttggatg 72204  
atccacaatg acagacgata gtccctcgga agaacatggg gcaccgcgtt ccagtagtgc 72264  
ctcttggctt agatcgataa acaagcggtt tagttagcc ctataagtgt cctgcattgt 72324  
tgcccttgct gcttccgttt gatccccggg ttttcaagg attaaatatg gagcatagtt 72384  
tccttagagga tcgcagtcgc tatattggct gttcattgtt ccaaacaccc caataggtt 72444  
acgggtggct tggtaatc gcggcatgcf ttgtctaagt cggtgtactg ttgtgtgagc 72504  
gcataccggc cgcgtgtgtt tttcacataa actacatgga atttcagagt caaaggtccc 72564

cgtaacatat tttaacgcac ccccggtgacc ccctgtaaac gcaccagcgt cacagcggtc 72624  
 tagataaaaa agcagtcgac ccaacagggg tgctccaaat ccacaaatga gtgccaaata 72684  
 atccacgcta aactctgtgt ttgatgaacc cgttagactga ctggatagaa cgtggccatc 72744  
 tcgatctgtt tggggattcg cagctaaatg aggtccggca aactggtaaa atcgattaaa 72804  
 tcatggaccc ggtccccat ccttggcttc ggtcatcccg ctatcctcca cctcagtttg 72864  
 atacaacgca gaatttgggc tgaaaaccat cgcaccaatg accccggcca cacgagcggt 72924  
 atatgacccc agagcgatca gccttggcaa agtgcctcc atgcctataa acattggcca 72984  
 ttctttgata tctgttggag tttcttcgta aattccagtgt ttgaatataa cttctgcgtg 73044  
 caaggctgtg tcagcggcca taatagacgc caaccgtctt tcaaaccccc ccgatgggct 73104  
 aggcttagac gtggagttga catcggttcg acgcgcctcca cgggcggtag tggttccact 73164  
 tgaagaggac tgaaaatacg tgtacgtaat gtcagggggg agtactgccc cctcgtgatt 73224  
 ttcatcaaaa gcaaggtggg ccgccttcg ggcgacggca gttacatttc tgacgcgcaa 73284  
 ggcaacggcc atgggagcaa taacacagtc atgtattaaa tggcacaacc cggtgttata 73344  
 aaagggtgtt gggtatacaa aaccctctcc gatagacctg tggatgggtt tgaatgggtc 73404  
 gggtaccaga cggtaacat cggcatgaa aagttgtacc gggaaataacg gtatacgtat 73464  
 aacatccccca tggtaatataat gaacaatatac gagtcctcca taatgcagaa acacgttgca 73524  
 cataaatacg gtttccttaa acaatgccgt gaccaccaag tataatattt tattttctgg 73584  
 ctctaattcca aggccgggtgc atatctcagc gccggtcgtc tcaacagcac cgtcaacagg 73644  
 aggcccttgg cagcgtgaaa acccaaaccg ttctcgagcc gcgttacacg cgcgtgtgag 73704  
 atttggggcc gcggagctgg gtaaaacgtg tttgcctccg tgaaagacaa agacagatgg 73764  
 atagaaatga ctggtagtga gtttaaggt aataccagct ccggcaagac ccgttagtgcg 73824  
 tgctccagaa accaccgcca ggctggatgt aaaagtttt tccacggtca aattacgcac 73884  
 caaaggtaat aaaggccaaat cagagtccgt gctacgagcg gccaaaaatg aaatttcctc 73944  
 cagatccaaa tcttcaaccc ggcacgcata aacgtAACCC agggggcccg tgggcactgt 74004  
 cacagtcttc tgagtatttt ccattttgggt gaagtactcg taataatggg ggggtgttgg 74064

cagggtcaaa tgaccaccca aaacctcagtc tgcataca ttaagaagag aggctttaa 74124  
 acgggttata catatgcgga aaccacaaca aatcacgtga ttacactta tgtattagaa 74184  
 gggcgtgggg ttgtgttact cagtaacact ggcttttac aagattatca atcgtaaca 74244  
 taaa atg gcg atc aga acg ggg ttt tgt aat ccc ttt tta acc caa 74290  
     Met Ala Ile Arg Thr Gly Phe Cys Asn Pro Phe Leu Thr Gln  
     5030                     5035                     5040  
 gca tca ggg att aaa tat aac cca aga acc ggg cgc ggt agt aac 74335  
 Ala Ser Gly Ile Lys Tyr Asn Pro Arg Thr Gly Arg Gly Ser Asn  
     5045                     5050                     5055  
 aga gaa ttt ctt cat agt tac aaa act acc atg tca tcg ttt caa 74380  
 Arg Glu Phe Leu His Ser Tyr Lys Thr Thr Met Ser Ser Phe Gln  
     5060                     5065                     5070  
 ttt ttg gcc cct aaa tgt tta gat gaa gat gtg ccc atg gaa gaa 74425  
 Phe Leu Ala Pro Lys Cys Leu Asp Glu Asp Val Pro Met Glu Glu  
     5075                     5080                     5085  
 cga aag ggg gtt cac gtc ggt aca ctt agt cga ccg cct aaa gtt 74470  
 Arg Lys Gly Val His Val Gly Thr Leu Ser Arg Pro Pro Lys Val  
     5090                     5095                     5100  
 tac tgt aat gga aaa gaa gtt ccg att ctg gat ttt cgt tgt tcc 74515  
 Tyr Cys Asn Gly Lys Glu Val Pro Ile Leu Asp Phe Arg Cys Ser  
     5105                     5110                     5115  
 agc ccc tgg cct aga cgc gtg aat att tgg ggg gaa atc gac ttt 74560  
 Ser Pro Trp Pro Arg Arg Val Asn Ile Trp Gly Glu Ile Asp Phe  
     5120                     5125                     5130  
 cgt ggg gat aag ttt gac ccc cgc ttt aac aca ttc cat gta tat 74605  
 Arg Gly Asp Lys Phe Asp Pro Arg Phe Asn Thr Phe His Val Tyr  
     5135                     5140                     5145  
 gat att gtc gaa aca aca gaa gcc gcg tct aat gga gat gta tcc 74650  
 Asp Ile Val Glu Thr Thr Glu Ala Ala Ser Asn Gly Asp Val Ser  
     5150                     5155                     5160  
 cgg ttt gca act gca aca cga ccg ctt ggt acc gtt att act tta 74695  
 Arg Phe Ala Thr Ala Thr Arg Pro Leu Gly Thr Val Ile Thr Leu  
     5165                     5170                     5175  
 ctt ggc atg tcc cga tgt gga aaa agg gtg gca gtt cat gta tac 74740  
 Leu Gly Met Ser Arg Cys Gly Lys Arg Val Ala Val His Val Tyr  
     5180                     5185                     5190

ggc atc tgt caa tat ttt tat ata aac aaa gcc gag gtg gat acc		74785
Gly Ile Cys Gln Tyr Phe Tyr Ile Asn Lys Ala Glu Val Asp Thr		
5195 5200 5205		
gct tgt ggc ata cgt tcc ggt agc gag tta tct gta tta ctt gcc		74830
Ala Cys Gly Ile Arg Ser Gly Ser Glu Leu Ser Val Leu Leu Ala		
5210 5215 5220		
gag tgt tta cgc agt tct atg ata aca caa aat gat gca acg tta		74875
Glu Cys Leu Arg Ser Ser Met Ile Thr Gln Asn Asp Ala Thr Leu		
5225 5230 5235		
aat gga gac aag aac gct ttt cat ggt acc tcg ttt aaa agc gca		74920
Asn Gly Asp Lys Asn Ala Phe His Gly Thr Ser Phe Lys Ser Ala		
5240 5245 5250		
tct cca gaa agc ttt cgc gtt gag gtt att gag cgc aca gat gtt		74965
Ser Pro Glu Ser Phe Arg Val Glu Val Ile Glu Arg Thr Asp Val		
5255 5260 5265		
tat tac tac gat aca cag cca tgt gcg ttt tac agg gtg tat tct		75010
Tyr Tyr Tyr Asp Thr Gln Pro Cys Ala Phe Tyr Arg Val Tyr Ser		
5270 5275 5280		
ccc tca tct aaa ttt aca aat tat ctt tgt gat aac ttt cac ccg		75055
Pro Ser Ser Lys Phe Thr Asn Tyr Leu Cys Asp Asn Phe His Pro		
5285 5290 5295		
gag ttg aaa aag tat gaa ggt cggt gta gac gct acc act cgt ttt		75100
Glu Leu Lys Lys Tyr Glu Gly Arg Val Asp Ala Thr Thr Arg Phe		
5300 5305 5310		
cta atg gat aat ccc ggc ttt gtt agt ttt ggt tgg tat caa cta		75145
Leu Met Asp Asn Pro Gly Phe Val Ser Phe Gly Trp Tyr Gln Leu		
5315 5320 5325		
aaa cct gga gtt gat ggg gaa cgt gtt cga gtt cga ccg gca agt		75190
Lys Pro Gly Val Asp Gly Glu Arg Val Arg Val Arg Pro Ala Ser		
5330 5335 5340		
cgccaa tta acg tta agc gac gtt gaa att gac tgc atg tcg gat		75235
Arg Gln Leu Thr Leu Ser Asp Val Glu Ile Asp Cys Met Ser Asp		
5345 5350 5355		
aat ctg cag gct ata cca aac gat gac tca tgg cct gac tac aag		75280
Asn Leu Gln Ala Ile Pro Asn Asp Asp Ser Trp Pro Asp Tyr Lys		
5360 5365 5370		
ttg tta tgt ttc gat att gaa tgt aaa tca gga gga tct aat gag		75325

Leu	Leu	Cys	Phe	Asp	Ile	Glu	Cys	Lys	Ser	Gly	Gly	Ser	Asn	Glu	
5375						5380							5385		
ctg	gcg	ttt	ccc	gat	gca	aca	cat	ctg	gag	gat	ctt	gta	atc	caa	75370
Leu	Ala	Phe	Pro	Asp	Ala	Thr	His	Leu	Glu	Asp	Leu	Val	Ile	Gln	
5390						5395							5400		
att	tct	tgt	cta	tta	tat	tca	atc	cct	cga	cag	tct	tta	gaa	cac	75415
Ile	Ser	Cys	Leu	Leu	Tyr	Ser	Ile	Pro	Arg	Gln	Ser	Leu	Glu	His	
5405						5410							5415		
att	tta	ctg	ttt	tcc	ctt	ggc	tct	tgt	gac	tta	cca	caa	agg	tat	75460
Ile	Leu	Leu	Phe	Ser	Leu	Gly	Ser	Cys	Asp	Leu	Pro	Gln	Arg	Tyr	
5420						5425							5430		
gta	caa	gaa	atg	aag	gac	gcg	ggg	tta	ccg	gag	ccg	act	gtg	ctg	75505
Val	Gln	Glu	Met	Lys	Asp	Ala	Gly	Leu	Pro	Glu	Pro	Thr	Val	Leu	
5435						5440							5445		
gag	ttt	gat	agt	gaa	ttc	gag	cta	tta	att	gca	ttt	atg	acc	ctc	75550
Glu	Phe	Asp	Ser	Glu	Phe	Glu	Leu	Leu	Ile	Ala	Phe	Met	Thr	Leu	
5450						5455							5460		
gta	aaa	cag	tac	gct	ccc	gag	ttt	gcc	aca	ggt	tat	aac	att	gtt	75595
Val	Lys	Gln	Tyr	Ala	Pro	Glu	Phe	Ala	Thr	Gly	Tyr	Asn	Ile	Val	
5465						5470							5475		
aat	ttt	gat	tgg	gcg	ttt	att	atg	gag	aaa	ctt	aat	tct	ata	tac	75640
Asn	Phe	Asp	Trp	Ala	Phe	Ile	Met	Glu	Lys	Leu	Asn	Ser	Ile	Tyr	
5480						5485							5490		
agt	ctc	aag	ctt	gat	ggt	tat	ggc	agt	ata	aac	cgt	ggg	ggt	ctg	75685
Ser	Leu	Lys	Leu	Asp	Gly	Tyr	Gly	Ser	Ile	Asn	Arg	Gly	Gly	Leu	
5495						5500							5505		
ttt	aag	ata	tgg	gat	gtt	ggc	aaa	tcc	gga	ttt	cag	cga	cga	agc	75730
Phe	Lys	Ile	Trp	Asp	Val	Gly	Lys	Ser	Gly	Phe	Gln	Arg	Arg	Ser	
5510						5515							5520		
aag	gta	aag	atc	aac	ggt	ctc	ata	tct	ctg	gat	atg	tat	gca	att	75775
Lys	Val	Lys	Ile	Asn	Gly	Leu	Ile	Ser	Leu	Asp	Met	Tyr	Ala	Ile	
5525						5530							5535		
gca	act	gaa	aaa	tta	aaa	ctc	tcg	agt	tat	aaa	tta	gat	tcg	gtt	75820
Ala	Thr	Glu	Lys	Leu	Lys	Leu	Ser	Ser	Tyr	Lys	Leu	Asp	Ser	Val	
5540						5545							5550		
gca	cgt	gaa	gct	cta	aat	gag	tcc	aag	aga	gat	ttg	ccc	tac	aaa	75865
Ala	Arg	Glu	Ala	Leu	Asn	Glu	Ser	Lys	Arg	Asp	Leu	Pro	Tyr	Lys	
5555						5560							5565		

gac att ccg gga	tat tac gct agt gga	ccg aat aca cga gga	att	75910
Asp Ile Pro Gly	Tyr Tyr Ala Ser Gly	Pro Asn Thr Arg Gly	Ile	
5570	5575	5580		
att ggt gaa tat	tgt ata caa gac tcg	gct ctt gtg ggg aaa	ctg	75955
Ile Gly Glu Tyr	Cys Ile Gln Asp Ser	Ala Leu Val Gly Lys	Leu	
5585	5590	5595		
ttt ttt aaa tat	tta cca cac ctt gag	tta tcc gcg gtt gca	agg	76000
Phe Phe Lys Tyr	Leu Pro His Leu Glu	Leu Ser Ala Val Ala	Arg	
5600	5605	5610		
cta gct aga att	act tta acc aag gct	att tac gac gga cag	cag	76045
Leu Ala Arg Ile	Thr Leu Thr Lys Ala	Ile Tyr Asp Gly Gln	Gln	
5615	5620	5625		
gtt agg att tac	acc tgt tta tta gga	ctg gct tcg tct cga	gga	76090
Val Arg Ile Tyr	Thr Cys Leu Leu Gly	Leu Ala Ser Ser Arg	Gly	
5630	5635	5640		
ttt att tta ccc	gat ggg gga tac cca	gct act ttt gaa tat	aag	76135
Phe Ile Leu Pro	Asp Gly Gly Tyr Pro	Ala Thr Phe Glu Tyr	Lys	
5645	5650	5655		
gat gtt att ccc	gat gtc ggg gat gtt	gag gaa gag atg gat	gaa	76180
Asp Val Ile Pro	Asp Val Gly Asp Val	Glu Glu Glu Met Asp	Glu	
5660	5665	5670		
gac gag agc gtt	tct ccc act ggt acg	tca agt ggg cga aat	gta	76225
Asp Glu Ser Val	Ser Pro Thr Gly Thr	Ser Ser Gly Arg Asn	Val	
5675	5680	5685		
gga tat aaa gga	gcc agg gtt ttt gac	cct gat acg gga ttt	tat	76270
Gly Tyr Lys Gly	Ala Arg Val Phe Asp	Pro Asp Thr Gly Phe	Tyr	
5690	5695	5700		
atc gat ccg gtg	gtc gta ttg gat ttt	gca agt tta tat cca	agt	76315
Ile Asp Pro Val	Val Val Leu Asp Phe	Ala Ser Leu Tyr Pro	Ser	
5705	5710	5715		
ata att cag gcc	cat aac tta tgt ttt	acc acg cta acg tta	aat	76360
Ile Ile Gln Ala	His Asn Leu Cys Phe	Thr Thr Leu Thr Leu	Asn	
5720	5725	5730		
ttt gag acg gtt	aaa cgt ttg aat cca	tcc gat tat gcc acc	ttt	76405
Phe Glu Thr Val	Lys Arg Leu Asn Pro	Ser Asp Tyr Ala Thr	Phe	
5735	5740	5745		
aca gtt gga gga	aaa cgt ctt ttt ttt	gtg cgc tct aac gtt	cga	76450

Thr Val Gly Gly Lys Arg Leu Phe Phe	Val Arg Ser Asn Val Arg	
5750	5755	5760
gaa agt ctg ctg ggt gtt ctt tta aaa gac tgg ttg gct atg cgc		76495
Glu Ser Leu Leu Gly Val Leu Leu Lys Asp Trp Leu Ala Met Arg		
5765	5770	5775
aag gct att aga gcg cgc ata ccc gga agt tct tca gat gaa gca		76540
Lys Ala Ile Arg Ala Arg Ile Pro Gly Ser Ser Ser Asp Glu Ala		
5780	5785	5790
gtg tta tta gac aaa caa caa gcc gcg ata aaa gta gtt tgt aat		76585
Val Leu Leu Asp Lys Gln Gln Ala Ala Ile Lys Val Val Cys Asn		
5795	5800	5805
tcc gtg tac ggt ttt act gga gtt gcg cag gga ttt ctg cca tgt		76630
Ser Val Tyr Gly Phe Thr Gly Val Ala Gln Gly Phe Leu Pro Cys		
5810	5815	5820
tta tac gta gcg gcc act gtc act aca att ggc cgt caa atg tta		76675
Leu Tyr Val Ala Ala Thr Val Thr Ile Gly Arg Gln Met Leu		
5825	5830	5835
tta agt acc aga gat tat att cat aat aac tgg gcc gca ttt gaa		76720
Leu Ser Thr Arg Asp Tyr Ile His Asn Asn Trp Ala Ala Phe Glu		
5840	5845	5850
cgt ttt att aca gcg ttt cca gac att gaa agt agc gtt ctc tcc		76765
Arg Phe Ile Thr Ala Phe Pro Asp Ile Glu Ser Ser Val Leu Ser		
5855	5860	5865
caa aaa gcg tac gag gta aag gtt ata tat gga gat acg gat tct		76810
Gln Lys Ala Tyr Glu Val Lys Val Ile Tyr Gly Asp Thr Asp Ser		
5870	5875	5880
gtg ttt atc cga ttc aag ggt gtt agt gtt gag ggg ata gct aaa		76855
Val Phe Ile Arg Phe Lys Gly Val Ser Val Glu Gly Ile Ala Lys		
5885	5890	5895
atc ggc gag aaa atg gca cat ata att tca acg gct ctg ttt tgt		76900
Ile Gly Glu Lys Met Ala His Ile Ile Ser Thr Ala Leu Phe Cys		
5900	5905	5910
cct cct ata aag ttg gag tgt gaa aaa act ttt ata aaa ctt ttg		76945
Pro Pro Ile Lys Leu Glu Cys Glu Lys Thr Phe Ile Lys Leu Leu		
5915	5920	5925
ctt ata aca aag aaa aag tac att ggg gta att tac ggc gga aag		76990
Leu Ile Thr Lys Lys Lys Tyr Ile Gly Val Ile Tyr Gly Gly Lys		
5930	5935	5940

gtt tta atg aag gga gtc gac ttg gtt aga aaa aac aac tgt caa Val Leu Met Lys Gly Val Asp Leu Val Arg Lys Asn Asn Cys Gln 5945 5950 5955	77035
ttt att aac gat tat gcc cgc aaa ctt gta gaa ctg ttg tta tat Phe Ile Asn Asp Tyr Ala Arg Lys Leu Val Glu Leu Leu Leu Tyr 5960 5965 5970	77080
gac gac acc gtc tcg cgt gct gcg gag gcg tcg tgt gtt tcc Asp Asp Thr Val Ser Arg Ala Ala Ala Glu Ala Ser Cys Val Ser 5975 5980 5985	77125
att gct gaa tgg aat aga cgg gcc atg ccg tct ggg atg gcc ggg Ile Ala Glu Trp Asn Arg Arg Ala Met Pro Ser Gly Met Ala Gly 5990 5995 6000	77170
ttt gga cgc ata att gca gat gca cat cgc cag att aca tca ccc Phe Gly Arg Ile Ile Ala Asp Ala His Arg Gln Ile Thr Ser Pro 6005 6010 6015	77215
aaa ttg gat att aat aag ttt gtt atg acg gcc gag ctt agt cgt Lys Leu Asp Ile Asn Lys Phe Val Met Thr Ala Glu Leu Ser Arg 6020 6025 6030	77260
cca cca tcc gcc tac ata aac cgt cgc ttg gct cac tta aca gta Pro Pro Ser Ala Tyr Ile Asn Arg Arg Leu Ala His Leu Thr Val 6035 6040 6045	77305
tat tat aaa tta gta atg aga cag ggt caa atc cca aac gtt cga Tyr Tyr Lys Leu Val Met Arg Gln Gly Gln Ile Pro Asn Val Arg 6050 6055 6060	77350
gaa cgc atc cct tat gtt att gtg gcc ccc aca gac gaa gtg gag Glu Arg Ile Pro Tyr Val Ile Val Ala Pro Thr Asp Glu Val Glu 6065 6070 6075	77395
gct gat gca aaa agt gta gct ttg cta cgt gga gat cct tta cag Ala Asp Ala Lys Ser Val Ala Leu Leu Arg Gly Asp Pro Leu Gln 6080 6085 6090	77440
aat acc gca ggt aaa cgg tgt ggg gaa gca aag cgt aag tta ata Asn Thr Ala Gly Lys Arg Cys Gly Glu Ala Lys Arg Lys Leu Ile 6095 6100 6105	77485
ata tct gac tta gcg gaa gat ccc att cac gta aca tca cac ggg Ile Ser Asp Leu Ala Glu Asp Pro Ile His Val Thr Ser His Gly 6110 6115 6120	77530
ctg tct tta aac att gac tat tat ttt tct cat ctc att ggg acg 77575	

Leu Ser Leu Asn Ile Asp Tyr Tyr Phe Ser His Leu Ile Gly Thr			
6125	6130	6135	
gct agt gta act ttt aag gct tta ttt gga aac gac act aaa ctc			77620
Ala Ser Val Thr Phe Lys Ala Leu Phe Gly Asn Asp Thr Lys Leu			
6140	6145	6150	
aca gaa cgg ctt tta aaa cgt ttt att cca gag aca cga gtt gtt			77665
Thr Glu Arg Leu Leu Lys Arg Phe Ile Pro Glu Thr Arg Val Val			
6155	6160	6165	
aac gtt aaa atg cta aac cgc ttg cag gcg gca ggc ttt gtt tgt			77710
Asn Val Lys Met Leu Asn Arg Leu Gln Ala Ala Gly Phe Val Cys			
6170	6175	6180	
ata cac gcc ccg tgc tgg gat aat aaa atg aac act gaa gct gaa			77755
Ile His Ala Pro Cys Trp Asp Asn Lys Met Asn Thr Glu Ala Glu			
6185	6190	6195	
atc acc gag gag gaa caa agt cat caa ata atg cgt aga gtc ttt			77800
Ile Thr Glu Glu Glu Gln Ser His Gln Ile Met Arg Arg Val Phe			
6200	6205	6210	
tgt att cca aaa gca att ctc cat caa agt taa ggtcacatcat			77843
Cys Ile Pro Lys Ala Ile Leu His Gln Ser			
6215	6220		
tttacagtaa acgtccgatg ttccaatgga tggcaccaca gtctctgttt gttgttctgg			77903
gttgcgacat accgacagta aaaatgttgt ctgccaaacg tgtgcgacta ttttatacc			77963
ccgacacgct gcctgtatat gatcgattag tctgtaatgg aggtgaacag atttccccgg			78023
aaatataaca tacatcataa accctccggc atctccatca cgataaaaaa gtacgcgtat			78083
atctcgatg cccccctccc tcataatatg atacataaaa aataattccg gttgtgcaa			78143
tacgctcgac aataggggtt cagcggacgc tgcttgcatg ttggctcggt ctgatagcgc			78203
caaaaatggat gcaagaaaca cacgatattc gtatatgtt ttaagctgct gaacatatgc			78263
tagtatcaga gccgccccat cggttcgaca tagacgcgg tctccagatg cagtgcgtgt			78323
cggacaataa cctccgagac ctaaatgata acccattccg gataacgaca ggcagttatc			78383
cggccactgtc tgacccaagt taaacggaag ggtgacaggg gtcgtctaa taattggcac			78443
gattaaggct ctaacggtag ctagttctc tgggggggac cttgcgatgt aattaaaata			78503
atggcggtac acagaccgct ccttgacat aagtttcct cgaatggtt gacggcggca			78563

tggcgttctg gagcgtacac gcatcgaagg cccgctccga gatacggatt tatatgcct 78623  
agacatactt cgatagggtg tggtcgaggg agaccagcga tattgcgtgt cgtcgaagca 78683  
taagtccctcc atctcgatgt aatgcggcat tggcggttgg tttgcgtgga aaaatcttgt 78743  
aggctttaaa tgcatacgcc aatgtccaca ggccagcaca tacacgacct tcaaattctgt 78803  
tttgcgcagc cagttggct ttatataact ccaacacttc ctatccgct gttgttaggat 78863  
gggcaaataa aatttttaggg tttgtctgta attccgagag agcgcatagg agatcgcaaa 78923  
ataaatgttt atatacggcc tcggaacctg ctgcctttac aatggttatg aatcgaccct 78983  
catcattaaa tggaaatita agtttaatgg gtttatctag gctccatgca ttgattacag 79043  
gttcgataca gtcaaataaa ctgtgttat ttgctgagta tgctaataa tccctttaa 79103  
actgccgcaa agcgatccaa tagtgcccta tggtaataa acaacataac atgcattcgg 79163  
tattcgtgcg accacggcac tttgcgttt ttaaggtagt taacaaaata ggcccaaatg 79223  
ctacttcggg acaggcatcc tcgctgtaa atttgaaaaa ttgtttgga acgtccctgg 79283  
agttttcaat ccgggtcgcc tgccagtatg atttaacaca tccaacgcga gtttctata 79343  
cacaatttgt acgctcgct acattccaag tagcaacccc actcagtaat aataaagcca 79403  
agtctgcgt accccaaagct gcttctacgt aagacgattt tttaagtttgcgtt tctattaata 79463  
tatcttcaaa ctctatatcc tcttttaatg cacgttccgc gcaggtaatc atcccacttg 79523  
tgcgatgttc cgatgatgaa cagtcaacca tccgcgcgca atcttccaa tttagccaagg 79583  
cggccgctaa aggttgaggg cctccagtc gtcgtcctg attaaagtaa aatgacttac 79643  
gcgtttcggt ttgcgtctaaa cgagacgtgc tgatgcgtatg taatgcagcc ctaactaccg 79703  
cctgtacaaa aaaggagtaa ttggaatatc ttactttgtt ggccatttcc ttaccgggg 79763  
gcggcgtat acctggtaac cctccatcggt tacgaaaaca tacatgcggaa aaaaaatgtc 79823  
tttgcgtatc taacaggaa agcgtgcgc tggcaaagga cccaaacaaa gtaacgttat 79883  
aacggcacag gtagtaacga tccataagat acacaaattc aaaggcagcg ctaaaagtga 79943  
caactgcaca gggggggat gccagacttt tcatacataa catggcgttag tccgcaaccc 80003  
attccgggtgt cagtccaaat ttacgtttat acaaattcaag cggtctgcag accaaacagg 80063

ctctgtctaa cgccaaaacg tctccaattt ctctataaa ttcaatggta cttgaggta 80123  
 ttcattatc cacacctacc gccgaagagg cctcataagt gacgttgtt tctattgcac 80183  
 gggAACATT tattaagtgg gaggcaaata acaattctga aaataacaaa tcgttttta 80243  
 gcagaaggc tggattataa gcg atg tac gaa tcg gaa aat gcg tcg gaa 80293  
 Met Tyr Glu Ser Glu Asn Ala Ser Glu  
 6225 6230  
 cac cat ccg gaa tta gaa gat gta ttt tcg gag aat acg ggc gat 80338  
 His His Pro Glu Leu Glu Asp Val Phe Ser Glu Asn Thr Gly Asp  
 6235 6240 6245  
 tcg aat cca tcc atg ggt tct tct gat tct acc cga tcc atc tct 80383  
 Ser Asn Pro Ser Met Gly Ser Ser Asp Ser Thr Arg Ser Ile Ser  
 6250 6255 6260  
 ggg atg agg gcc cgc gat tta att aca gac acc gat gtt aat cta 80428  
 Gly Met Arg Ala Arg Asp Leu Ile Thr Asp Thr Asp Val Asn Leu  
 6265 6270 6275  
 tta aat atc gat gca ctg gag tca aag tat ttt cct gct gat agc 80473  
 Leu Asn Ile Asp Ala Leu Glu Ser Lys Tyr Phe Pro Ala Asp Ser  
 6280 6285 6290  
 acc ttt act ctt tcc gtt tgg ttt gaa aat tta att ccc ccg gaa 80518  
 Thr Phe Thr Leu Ser Val Trp Phe Glu Asn Leu Ile Pro Pro Glu  
 6295 6300 6305  
 ata gaa gca att cta cct aca act gac gct caa tta aat tat ata 80563  
 Ile Glu Ala Ile Leu Pro Thr Thr Asp Ala Gln Leu Asn Tyr Ile  
 6310 6315 6320  
 tca ttt acc agt cgc ctg gcg tcc gtt tta aaa cat aaa gaa agt 80608  
 Ser Phe Thr Ser Arg Leu Ala Ser Val Leu Lys His Lys Glu Ser  
 6325 6330 6335  
 aac gat tca gaa aaa tct gct tat gtt gtt cca tgt gaa cat agt 80653  
 Asn Asp Ser Glu Lys Ser Ala Tyr Val Val Pro Cys Glu His Ser  
 6340 6345 6350  
 gcc agc gtg acc cgt cgc cgt gaa cgc ttt gcg gga gtc atg gcc 80698  
 Ala Ser Val Thr Arg Arg Arg Glu Arg Phe Ala Gly Val Met Ala  
 6355 6360 6365  
 aaa ttt cta gat ttg cat gaa ata ttg aag gat gct taa tacatgggaa 80747  
 Lys Phe Leu Asp Leu His Glu Ile Leu Lys Asp Ala  
 6370 6375

aaataaacgc attaataagt cgtcaggggg tggatcactc caaactcctc ctatatccca 80807  
cgataaatgg tctaaatact tcacgcgtgt gccttggtt gcaaccttag atcaat atg 80866  
Met  
  
tca cgga aga acg tat gta cgga agt gaa cgc agg agg ggt tgc gga 80911  
Ser Arg Arg Thr Tyr Val Arg Ser Glu Arg Arg Arg Gly Cys Gly  
6380 6385 6390  
  
gat aat ctt tta caa cgt att cgg ttg gtg gta cca agc gct ctt 80956  
Asp Asn Leu Leu Gln Arg Ile Arg Leu Val Val Pro Ser Ala Leu  
6395 6400 6405  
  
caa tgt tgc gat ggg gat ctt cca ata ttt gat cca caa cgc ccc 81001  
Gln Cys Cys Asp Gly Asp Leu Pro Ile Phe Asp Pro Gln Arg Pro  
6410 6415 6420  
  
ccc gcc cgt tgt gtt ttt cag ttt aac ggc gaa gac aac gta tcc 81046  
Pro Ala Arg Cys Val Phe Gln Phe Asn Gly Glu Asp Asn Val Ser  
6425 6430 6435  
  
gaa gcc ttt ccg gta gag tat att atg cgt tta atg gcg aat tgg 81091  
Glu Ala Phe Pro Val Glu Tyr Ile Met Arg Leu Met Ala Asn Trp  
6440 6445 6450  
  
gcg caa gta gat tgt gac cct tac ata aaa att caa aat acg ggg 81136  
Ala Gln Val Asp Cys Asp Pro Tyr Ile Lys Ile Gln Asn Thr Gly  
6455 6460 6465  
  
gtg tct gtg cta ttt caa ggt ttt ttt ttt cgt ccg act aac gca 81181  
Val Ser Val Leu Phe Gln Gly Phe Phe Phe Arg Pro Thr Asn Ala  
6470 6475 6480  
  
cca gtg gct gaa gtg tcc att gac agt aat aac gtg att ctt agt 81226  
Pro Val Ala Glu Val Ser Ile Asp Ser Asn Asn Val Ile Leu Ser  
6485 6490 6495  
  
tca acg tta agt acc ggt atc aac cta tct gct ttg gaa tca att 81271  
Ser Thr Leu Ser Thr Gly Ile Asn Leu Ser Ala Leu Glu Ser Ile  
6500 6505 6510  
  
aaa cga ggt ggg ggt att gac cgc cga cct ctc cag gct tta atg 81316  
Lys Arg Gly Gly Gly Ile Asp Arg Arg Pro Leu Gln Ala Leu Met  
6515 6520 6525  
  
tgg gtg aac tgc ttt gtg cga atg cca tat gtt cag tta tcc ttt 81361  
Trp Val Asn Cys Phe Val Arg Met Pro Tyr Val Gln Leu Ser Phe  
6530 6535 6540

cgt ttt atg gga ccg gaa gat	cca tct cgc acc att	aaa ctt atg	81406
Arg Phe Met Gly Pro Glu Asp	Pro Ser Arg Thr Ile	Lys Leu Met	
6545	6550	6555	
gcc cgc gcc acg gat gca tac	atg tat aag gaa act	ggc aat aat	81451
Ala Arg Ala Thr Asp Ala Tyr	Met Tyr Lys Glu Thr	Gly Asn Asn	
6560	6565	6570	
ttg gat gaa tat ata cgc tgg	cgg cct tca ttc aga	tcc cca ccc	81496
Leu Asp Glu Tyr Ile Arg Trp	Arg Pro Ser Phe Arg	Ser Pro Pro	
6575	6580	6585	
gag aac gga agt cca aac acg	tct gtt caa atg caa	agt gac att	81541
Glu Asn Gly Ser Pro Asn Thr	Ser Val Gln Met Gln	Ser Asp Ile	
6590	6595	6600	
aaa cct gcg tta ccc gat acc	caa act acg cgt gtc	tgg aaa ctt	81586
Lys Pro Ala Leu Pro Asp Thr	Gln Thr Thr Arg Val	Trp Lys Leu	
6605	6610	6615	
gct cta ccc gta gct aac gtg	aca tat gcc ctg ttc	att gta att	81631
Ala Leu Pro Val Ala Asn Val	Thr Tyr Ala Leu Phe	Ile Val Ile	
6620	6625	6630	
gta ctg gta gtt gta tta ggg	gcg gtg ctt ttc tgg	aaa taa	81673
Val Leu Val Val Val Leu Gly	Ala Val Leu Phe Trp	Lys	
6635	6640	6645	
attgccttc cgtacatatac ctgcgcagat gtacgtgtat gctgttatcg attgtcccg			81733
aaactaataa acg atg aca caa ccc	gca tcg tct cgt gta	gtc ttt gat	81782
Met Thr Gln Pro Ala Ser Ser Arg Val	Val Phe Asp		
6650	6655		
ccc agc aac ccc acc aca ttt	tcg gtg gaa gca att	gcg gct tac	81827
Pro Ser Asn Pro Thr Thr Phe	Ser Val Glu Ala Ile	Ala Ala Tyr	
6660	6665	6670	
acc ccc gtt gct tta ata cga	ctt tta aac gcc agt	gga cct ttg	81872
Thr Pro Val Ala Leu Ile Arg	Leu Leu Asn Ala Ser	Gly Pro Leu	
6675	6680	6685	
caa cct ggt cac cgt gtg gac	atc gct gat gcc aga	agc att tac	81917
Gln Pro Gly His Arg Val Asp	Ile Ala Asp Ala Arg	Ser Ile Tyr	
6690	6695	6700	
acc gtg gga gcc gcg gcc agt	gcc gcg cgt gca cgc	gct aac cat	81962
Thr Val Gly Ala Ala Ala Ser	Ala Ala Arg Ala Arg	Ala Asn His	
6705	6710	6715	

aat gca aat acg ata cgc cga acg gcc atg ttt gcc gag act gac Asn Ala Asn Thr Ile Arg Arg Thr Ala Met Phe Ala Glu Thr Asp 6720 6725 6730	82007
cct atg aca tgg tta aga cca acg gtt ggc tta aaa cgt acg ttt Pro Met Thr Trp Leu Arg Pro Thr Val Gly Leu Lys Arg Thr Phe 6735 6740 6745	82052
aac ccg cgt att ata cga cca caa ccc cca aat cca tcc atg agt Asn Pro Arg Ile Ile Arg Pro Gln Pro Pro Asn Pro Ser Met Ser 6750 6755 6760	82097
ttg gga atc tcg ggg cct act ata ttg ccg caa aaa aca cag agc Leu Gly Ile Ser Gly Pro Thr Ile Leu Pro Gln Lys Thr Gln Ser 6765 6770 6775	82142
gcc gat cag tct gct tta caa cag ccc gcc gcg ttg gcg ttt tcg Ala Asp Gln Ser Ala Leu Gln Gln Pro Ala Ala Leu Ala Phe Ser 6780 6785 6790	82187
gga tca tcc ccg caa cac ccc cca cct caa acg acg tcg gca tcc Gly Ser Ser Pro Gln His Pro Pro Pro Gln Thr Thr Ser Ala Ser 6795 6800 6805	82232
gtt gga caa cag caa cac gtg gtg tcg ggg tct tct gga caa caa Val Gly Gln Gln Gln His Val Val Ser Gly Ser Ser Gly Gln Gln 6810 6815 6820	82277
ccg caa cag gga gca cag tca agc act gtc cag cca aca acc gga Pro Gln Gln Gly Ala Gln Ser Ser Thr Val Gln Pro Thr Thr Gly 6825 6830 6835	82322
tca ccg ccc gcg gcc caa ggc gtg cca cag tct acc ccg ccc cca Ser Pro Pro Ala Ala Gln Gly Val Pro Gln Ser Thr Pro Pro Pro 6840 6845 6850	82367
acc caa aat acc ccc cag ggg ggt aag gga cag acc ttg tca cac Thr Gln Asn Thr Pro Gln Gly Gly Lys Gly Gln Thr Leu Ser His 6855 6860 6865	82412
acg gga caa tct gga aac gct tca aga agt cgt agg gtg taa Thr Gly Gln Ser Gly Asn Ala Ser Arg Ser Arg Arg Val 6870 6875 6880	82454
ataaaaatac acagaaaata atcggtt tttttttt tttataggc gctactttat	82514
atatatgttc catctaataa caatthaaca taccccaggc cttgaaatat atcttccgtg	82574
tggtccattta aaagtttacg tgtatatcta acgttgcga tcatacgccg acatgcctgg	82634

ccttaacagtgc	ccagtgctcc	caaggcggtc	cctcgacat	aacgtcgacc	ggtgactaca	82694
tcggcattaa	caacgcgtac	gtgcctagga	acgcgacatg	accgatgttc	gtcgagactt	82754
agtacgatag	aattttcact	ctcactgcta	tagccgttag	aaggttcact	aaaatcactt	82814
tgatatacggt	ctctgttcgg	tgagttaaac	gggttagaag	atacgccccca	tgtgtgtacg	82874
tcccgcggaa	agtttggcga	cggctgtctt	gttttatagt	ttgtcaatag	gtccgtttgg	82934
ggggcatcggt	ctgccgtgtc	aacccaagaa	ggttaattgg	tatttacagg	gtgaaatact	82994
gttttggagt	tatacattcg	agggtcattt	tgatgccgtt	tttgtgtttt	atttgatttt	83054
tcaatccaag	tccggtaaga	tatcgagtca	tctgtcgaa	tggaggtaat	ctcaagtatt	83114
ggtttactga	acgcgttgg	taacgtttgg	tttgctgtg	gattatttt	ccaatccgac	83174
aattggttat	ttgggtgggt	aatacttttta	caaacggtt	tttaatgg	ggtggtaat	83234
tgcttaggt	taagcacagc	cgttctgt	tcggttcca	catacaaggg	aatatcttt	83294
tggctaagg	ttgttttac	gctttgggt	ttcttaaaat	tttgtaccac	tatttgcgt	83354
cccggttcta	tgggctgcgc	gggctggacg	gtctgcgcgg	gctgcgcggg	ctgcgcgggc	83414
tgcgcggc	gcgccggc	gacgggcatt	ttttacatt	tggaacttct	aacaacttga	83474
acgggagact	taaatagtgg	ctccgttgg	taaaaatcag	ttgtgtcgag	gtttgggggg	83534
ccttgggc	cataaccggc	aataatttgc	gagtaaaatg	gatcatcgg	acacgagggg	83594
aaagagtcct	catcgagtc	gatgtacggc	aaatcaataa	gagattctgg	ccccaaaaag	83654
accacataat	ccggagctgg	aatcgagtct	tttcgttccc	ataaaaacata	agaggattc	83714
atatgttcgt	ccaatagcag	taaacacggg	ggatttttg	taagaggtt	gtttgcaatg	83774
agcgcggaca	gttttctag	ttggacaatt	aaacatgcat	ttcaattgg	gtgaggatcc	83834
atatgcagta	aacgtAACCC	ccaagaaaca	atatcgggag	atacgctga	ggatataccc	83894
gaatctgtag	ccatatgcgc	ggaatcgaat	aattttacc	ccaaagtaag	tccggattt	83954
tgtgaaaaaa	cggatgtaa	ttccatggca	ataaccaaag	gagccccaaa	taaaatagcc	84014
gtatggcta	tgtcaaacgc	tgttacatta	gaaacgtgag	ttggtgccgc	ccccgttact	84074
gtaaaaactg	tcgttgcccc	ggttgaata	taagcatctg	taattacttt	acggctgtta	84134

ttccactcta acgtggatt gctggagcg gtatcaaattt tgcattaa cgtggatgac 84194  
aaatccagtc tcgcatcaac tataatgtcc acatcatctt gtgtctgt tgcgaattcc 84254  
tccggttgca gcgttattcca cattgacact aaggaaattt gcgggagaca catgcgccca 84314  
agtacagtaa tggtcgcaag acgatctgtt gccattatac gggtaactgc atcgacattt 84374  
gcctttaccc cggggggggg ggaaagttgc catggcgcaa aaggatccgt tattttctgt 84434  
ggcattttaa caagttcca atctgccatc cgaaatgcaa atattctccc gccggtagga 84494  
tcttggtttg atccaagagc taacggagt ttatgtttgg atggggcggc attaaaaaag 84554  
gccccggcat tgccttcgg gtctccatcc aatgagcgaa cgagtaaacg acctctaaat 84614  
gcggcctcga ttacgggtct gagggtaacgg gccatatact catgctgttt aattaaatcc 84674  
aatctagcaa aattgagaag atgtaccggg gttgtggcaa cccaaatagt tacaatatca 84734  
gatagggta actctaatac gcgtacatca ccccttctct ggattgggtt agtttagtcca 84794  
ttgcccattt cagaagttttag gtgggtttt tcaaaaagaat aaataagctt gtcccaatga 84854  
accccgattt gtcgtgtcaa tgggtgtttt ataaggccgg cgtatatctc tgcaatggct 84914  
ctgcgtgcgt tgggtttacc ccattcgccg tggcgatgcc taacaaaggt ggaaaaggca 84974  
gaaaacccgg attttatagc ggattcgtat tcaatgcgtt gctcattgac ctcattggcc 85034  
acgcgtaatg ccgatagtgt agtttcttcc acaatacctt catcgaaag tgccggcgt 85094  
aaagataatc caccctgact gcatagcatg gttccaaatgtaa taaccccaac tgatttataa 85154  
cacactctat atcgaagtgg aacccatca gtatccaaatgtaa attttttccaa 85214  
aacaaagcgt ctatagaaga tctggcttcc ctaaacgttt gcaccacaga cgcctcccc 85274  
ataaacgcgg ccacccgcgc gcgaatgcat cgggattggg cttctagaca tacacccgac 85334  
atggcggaa taggagcaaa tactccgttt ggagacgcgg gtggaaaaat ctcagcataa 85394  
cttgcataca agcctaaccg taccatgagt aaatttcgaa atgtcatata ctgtgtttt 85454  
atccatatacg gcaaatgtgt aaattgatcg aaatcacgtt ataacatacg aagaacgtca 85514  
tggtcactct ccgttggaaat acgttcaattt aaagctcgta agcgagacgc ggtctttca 85574  
aactgtcttt gtttttgc当地 cacaacatcc aacgcccgttt tacgttccgtt ttgctttttt 85634

tggagacggt tttcgtttc cacaggcaat aaaaaaaatt cgggttcgga acaaagcatg 85694  
 tcaaccacag acgccgatgc ctggagtgcc ttatactat ctacggaagt agcgtacgtg 85754  
 tccccgatg ccaacatatc ccccgttct cttaaatg ttgtccatgc atcgcccac 85814  
 gtaacctcac cggttctat tcgtcgtcgt aggagatcta atttagttcg taacgcataa 85874  
 agtttatcca ccctatctt ataagtatgc agggggccgg taccgtctat acgcacactt 85934  
 agtggatggg agtcaataat attgcgagct tggtacatcc agtcaaccgc ctgaatgtcc 85994  
 aacgtaccag tttcttcttc cagacgccct aacagcaatg caaactgcgt gacaatgtcc 86054  
 tgaacggaag tagatctatc aatggccaat gcaattgttt tgggaggggg gtttagttt 86114  
 aataacgtct tcaggttagt gaaatccacg tcttcttgtt gctcagtggc attggccgta 86174  
 tcaacaatgt ttgtaaaat ttgtattgca cggttcttg ttgcctgaca caccatacga 86234  
 aactgtgcaa gctctgcgtt ggcctccctt agatcgccgt ctaccattgt ttgtaaaact 86294  
 ctittcatatg ccgttcctat aaatcgaaa tgatcgaaag ttgtaaaata ctctatagcc 86354  
 cgaatcaata aaccccgct tggtaatgta atgaagacac ctctttaag tgcaagttt 86414  
 gccgttgcgt gtgcccgaac atgagttact tcctccaaag ctttattgc ttctgtaagt 86474  
 ttagccccgg cagcctgtct gatgtctgct ctaagttcac ttaacgttac acttcggtt 86534  
 ataaaactgat cataagaccg tgtgtaaaaa tcaacataacc cagccaatgc gggtattgt 86594  
 aatagatccc ccgagggtcg taatatcata tctcggtagt taggtattcc attaatagac 86654  
 gtatcggcgg ataataaacac aaccgcgcga atacgcataa gcagaaggag tccctcaata 86714  
 ctaacacctg gaaacataac ggtgaatacg ggagccgtaa tcgaaaaatc atcaaaccat 86774  
 gttaaccctc ttaacaaagc caaagggttgtt ggaatatttg tatttcggg ggtatatgga 86834  
 ttgtggcgaa acacagtatc taatgccgtt acggctgttag tttcacatgc cgctacaacc 86894  
 tgacgtgcctt gtgggtaaac tgcgtgtata tcaaaccctc ccgcagcggc catatctcgc 86954  
 aaccgtgcca gttctgtccc gttaaatata tggcgcgttt ccattgcctc cagacatgct 87014  
 ataataatcac gtgtccaaacg ctcataaaaa acccgagtcg tttgtgttt atgtgcacgt 87074  
 tcacaatcggtt taatataacac tttgcctgt tccttcttcatgtgccat tgtgacgagt 87134

ttatgaagat ccttactac tcgagataag gtagatgtcc cagcaataca atgggggggt 87194  
agctttgca gttcaacttc aacaagttt accgtatcca ttagggcgtg cacatttgtt 87254  
tgtattgata atatcgcatc gtttatttca taatcatcta cattgaaga tgatataaac 87314  
ttcaagtgtc cagatgagac agctagggtg gagaagtcat ctccaagttg ttttgtaat 87374  
tcagtcaact tatgggtatt cgtaatttct tggtaaaag cctgatattt tttatataac 87434  
gacaacacaa aggataaggc tggcactgta gatgaaacta acgtcgctt actaagagtt 87494  
gcaacaacag cgtttatggc ggactcaatt tccgggttag tagatacggt cgcgatgtcg 87554  
gatgcaagca catctgccac gtcaccaaaa aacgcaagca atgatggtct atactccgta 87614  
ggtatcggca caatttcgat aatagctgta aaacaagctc ccagtcctcc taagacagat 87674  
gtgcgtgcgt ttccggatg ttctaaaatg tctcgatatt ggttaaataa cgcccagaaa 87734  
tcacccgtaa gttgagaacg gatctctacc ggccctcta agacttttgt cctgagattt 87794  
accagggctc cttggacatc taactcagaa gcaagttccg gtaataaatt tactgcagcc 87854  
ctaagtcccc caaaaccggt taccgggcga agtaaccccc cgagtttatt atatgccgcc 87914  
tgtttcgac tcttattgt gtcctgtgtg gtcgggcct cgttgcata cgtctgaacc 87974  
tcttaagcc ttgttccaa tcgtcttta atcgaagggtt gtaaaccgga ttggatcatt 88034  
ggatcactta aaattttat ctgtcgacc aaatcgctg tagcacgtac aattgttgct 88094  
aataaatcat cccgtttat ttcaggatac ttgaccc tac cattgttata tgttcatag 88154  
cccttacgg cttggctac ggccgcgtt agcgtattaa agcaagacaa ctctgctcc 88214  
gcggaagccc gttgcgttgc gcgtgttta atggtttaa ttgtacgtga taattcatcg 88274  
aactctcgac tggataagta acctgcgggtt tgagcttccc cgactacaga taaccacgat 88334  
acgagagccg tgtctgtgtt taaatcttcc cttctttaa taagctctt taacagagat 88394  
acgacgggga gattttgtat agtctcagga ggagggtgtt tagacaggga cgatatgatt 88454  
gccgttaatt tagcgtcgaa ttccggaaaga gaatctaaaa gccgttgaat gggtgccgtt 88514  
cttgcggcgtcg cgacccgaaa acgccttaggg gattgttcag cgatcaaggc ccgtgtgtca 88574  
tataacactc cgccgggtgaa gtattctgta acagccgagg tcaatagcat tgtaacttcg 88634

gatcgatatct catatacacg ccgaattaac tcttcgggtg gaatgtcggt ttcttccggg 88694  
 ggttcctggg gaacttctgg tatttgaatg gcatcaattt tattgcgggt agaccgtaat 88754  
 gcattctcta aagcctttac actagaaaca agcgcggtgt gttcacgcat atagcgtgtc 88814  
 tcccgggccg agactaattc acaaagaaga cgtattcggt cagacaggga ccctgtacgg 88874  
 gttggaataa gctcggcaaa aagtccggga tgagaaataa taggcgaatt tagtatactt 88934  
 ataagacctg tcgacagtct agaatagagg tctatggcgc acgaacctcc tagatccgct 88994  
 tctaacacat ctagttcgcc atgtaaagcg ccgggtgtat cctgaacccg catggcaact 89054  
 agaccaaact tagcgataat gagcatgcc aattgtacatt tttccggag aacagttta 89114  
 atagcatatt ccgcggccgg catgttgtt aatatcaaac ttgtaacgcg tataagttcc 89174  
 gcggcggagg gaaatcctgt taaaattcc ccaaggggac ctataaagtc tgatacaacg 89234  
 cttgttagcac catgatgtgt acgtgttcca tttccacca caaatccgt taaacgcaaa 89294  
 atggtgaggt taataaaaag ctccaatgga tcctttcgt ctggcataac caagggcctt 89354  
 gttacccaaa tgggaacatt tgtatgaccg gtaataacag tatccaacgt acccaccgca 89414  
 tttgtacgt atccattgct aatttcatgc ccatgttgta gtagttttc gacaaccatg 89474  
 ttgacatcac cactctgttc aaatagaaat ggcttccgat ctttcaaact gcttcctaca 89534  
 ttcatgttcc gtaaaaaaagt gggactggat tcaggcgtat ctacattgga tacatthaac 89594  
 acaacgtctg ggggtttagc aacttctcggt aggccccgtt atacatgtgc cacttgcgtt 89654  
 ttatccggca cgtctacagt tggttaaat ttgagaacct ttttagcggg tttatgtaaa 89714  
 ttatccgtgg aatgtgtatt atttaccaag ccatcgtcga tacaagctaa attttcctcg 89774  
 cttgaaggag gagtccatga aggacggcgt ctacgacgac aatccaaaac gccagaccca 89834  
 gtcgagggttg tttctagaac cgcatgccaa ggtcaacct cgctgtaact acatctagg 89894  
 tccagtgcaa ccgtgttggt taacgttcaa tgttagggttt cttccaagga tacactttca 89954  
 ccaacgtttt ggtgaagagg tactatagac gatttattaa gcacaattgt cgtggattta 90014  
 ggaggtgaaa gaagcaacgg atgttgagct gtaaccagt tttcgaata ttgttcatct 90074  
 gtaaaatatg tatcacagct tccgtatata agcgttactg ccgaagatag cgcttctcg 90134

cttacgggac cgtcgttgc ggtgacaaaa aaaactaatg cagcggccca ttgggattct 90194  
 acgttatcg ggccgtgggt atactccat gcgatataag agtacacatc cgtggattc 90254  
 acccgaacaa ctacagcctg tcctatagtc ccatggccat gtggatcaa aataaaagat 90314  
 atgtttccct gacgatagat ggccattccc gttgagtcta cagttataat tgtatacgc 90374  
 tcttcacgtc ccatccacac atcatcgaaa aacgctctag cggaaatttg tgtgcacata 90434  
 aaaccctcg ctggAACGGT aaaaaaatgg ctatcgccgt atattctaga caaaacgcag 90494  
 cacgtactgg tagtgtcccc cagttataa tatgaaattc gattggggag atcaacaaga 90554  
 gcacacatat ctgggacacc cctcccaata tttagacagat ccgtagtcca tgctgcaccc 90614  
 tcttgtaaac atccatcaat catgtctgat gacagggtt cattaattcc atgcgcatat 90674  
 gtcatatgca aaaacgataa agatgttctt aaacatgaca gacctgacgc cggcccagg 90734  
 gcaccgtcaa attgattacg gcttccact cccgcaacag tgacagctat aggcggaatt 90794  
 atatccattt tattgcttac gaaaattacg cgctcaactg gtagggacgc tacgttacg 90854  
 atgattcaaa tcccaaagag cggtgaataa gcacgtgtag ctccaaaaac ctaggaggtt 90914  
 atgaaaatac tagcaacaac agcgttatac aaacgaaacg cccagtcaat aaaaaccaca 90974  
 aatacttaa tgtacataaa cacgcctgtt ttatattaag ggtcactccc acttgttattc 91034  
 ccgggtacgc caagacgcaa atctacatta gataaaatct catctggacg aagccatctt 91094  
 tgcctattt tcagcgtcgg agcctctgaa attacgtctc tgaccgttgt cgttatttt 91154  
 acattatcat gtaaaaacgt tgcatttaca ttctccatg ttcctatatt acattgtcaa 91214  
 gttaaaacgg cgcccatctg aggtccagaa tccacaataa actgttgccct ggagtccata 91274  
 acgaatgaaa ctgctgcctt gtgatcttcc agatttcggg cgtgactcat atatgagggtt 91334  
 ggggcattta cacgatcctc ttgtatattt tttaaaccgc gcctcaattc attacacacg 91394  
 gttgcaatag attcggccga cgggactgcc gttggcatgcc tacaagctgt tgctattcgt 91454  
 tcccacctat ttaaaaaaaaat ctctacattt gcaagaccgg gtatatttc tcctgtt 91514  
 agtttgtcaa cacgcattaa aatgtccatt tgatcctgtg taaaccgtgc ataccggaa 91574  
 gccatcgttg aaaaaagagg cccaatagca gaagtggagg ttttagtcat taaattttca 91634

cattccctaa gggctgagga agcatcgccc ataattgtgc gcaggctgga tattccact 91694  
ctcatttgcg ttccggattcc ttgtattgtc ccaacaatat gaccaaccgc atcagcaaga 91754  
tcgtttaaac gccatacccc aaattgtca tcgcgttcaa cctttgggtt acagatacca 91814  
acagcctgaa gatctggcgt tggataaaaaa cgacacgcaa aaaattttg taacattaac 91874  
atgtaccgag aaaccactaa cgcgttggat gtaaaatttt caaccaacgc ctgcgtatgtt 91934  
ttatccagtc gggtccaacg accgtaaagt tcatcataat agagagttgc taaaaaaaaacg 91994  
ctatttgtaa tagaaggacg gtcaggaacc aaaggacgga cgtgctgggg aagcaggtca 92054  
acggcaatgc caacagtccg atgaagttcg catataaggg aatctatagt agaaacgtga 92114  
gatggtaaaa gtactgggg gtgtgtacgg gtaaaagggtt ctaatattgt tataagagca 92174  
gatagtttg tgcgatatcc atctgcattt ggcacgggtc cggatccata atcgcgagcc 92234  
cactgaagaa tagacaaggc ttgctgtatt ccccggttat caaaagacaa agctattgtt 92294  
gccgaaaggg catcaagcgt gcttgtgca ataataataag gcacaaacga cggttccaca 92354  
aacacgctag agcgattata ttccggtagga tatgcaatct ttagtgcttc tgttatcatg 92414  
acagcttcca accctgttagc cgggtggatca acacaaatag gaggtgtcat acccacatcc 92474  
accgggggag taatacccca tcttgaatcc atacgttaggt caaaccaggt tagtacggct 92534  
tcgcgtacgg cactttgtcc tgcttgggt aataacgcac ctgaggattt attatgtgtt 92594  
tgcttaaaaat atgttgtctc tctagcttct gcatgtgaaa ttccattaag tagtattacg 92654  
cgtgtcgctt gtatactttc aataaggggt cgtggagcaa aacagcgccg cataatttgt 92714  
cccaggcctc ccgggtggtaa tcctaaggcg ggtaatagcg tttcataccg ttttcggc 92774  
tcgtttactg tccgtgtata tgttaacaca tactcggtag taggagcgta cgttccact 92834  
aattggtagt ccagtccacc cactaaagcg agacatccta gtgtttgtt gaaatctgt 92894  
atatgctcgt ctgctacaac gcttccgtga ataaaaccgg cgagtgtgtg gtgagcaata 92954  
aaccgacgta gcaatttgca tgaaaatctt gtaaaccggg attcggcaag ggtgcttatt 93014  
aacatactag gcgatgtact agcctgaacc tttcccaaa tgccacgggt gtgttctgct 93074  
acattacttc cagatgtggt ttccgcttcc gggtcggagt ttagtaaatg taacagcgcc 93134

tcaatatgaa ttccgggggt ggacaacgat aagagggtgc tttcccatat accattgtct 93194  
 aatctaagtc tccttagcaag cattcccgaa gatgtctcaa aaacataagg gtctcgataa 93254  
 gccagagctg agggaaattcg tgactcgtgc accgttcgtg gattcggtac cgcttcttcg 93314  
 atggatacga acgcctcatac tttaattaaa ttacagtat ctgcaaataa ttctgatatg 93374  
 ctatgtactg gcgtttccgt gagatattca tcaatcatac agattataaa aagggtcg 93434  
 gtttagaggag tgagttagct attttgaatc tgattccaca taacattaaa cggaagaagc 93494  
 catcctgcataattgtgttaa aacacgaatc ccctcttcaa caaatggcat atcgtaatg 93554  
 atcgcaaatt tatgttgtgt taaagctgca atggcgctt ccaacattcc aatacgagcg 93614  
 tgagtgaatg gtgattcaat ggctgtgtt gcatcctta aggcgacccgtacatattt 93674  
 atccagtccg ttataatgaa gtgtatcgaa acgggtccaa atttagacga gttcgtaat 93734  
 ttattggccg ataaacgatg taacgtctcg gaatcttgcatacacttga tagctgggtt 93794  
 aaaattttta agctattacc tggctcctct atcgtccagt ctagatctag tctccaaac 93854  
 aacagtccgg gtaaattttc ggccgtgaaa gcagcctccg ccaaaaatgt attggaatat 93914  
 acaaaaacaga tattagaatg caggggttcc catatctgaa taaaatgttt agctggaatt 93974  
 ttctggtag atcgtaaaaaa cttaactacc ttaactctgg cgattctgt tttctctgg 94034  
 gaccatggtc ttctgtgtc cgcttcttgc actttcaagt tacttaatc atccaaaatgt 94094  
 ttttgttat cataacaaat tggttcttcc atggtatatt ctacgctgac ttaactttat 94154  
 aacgtgatgataaaaaa gaaaaagcta catccgtccg gaatgaaaag acataatgt aacatcaata 94214  
 aaaacgcataatg ttaataaaaaa ggacgtcacg gtaagttgaa gaaccttttacgccaatca 94274  
 aaatattttt ataggctcct cctacctaacttataaa cggtaactacg actgtataat 94334  
 gtgtacacat accccaggca acatttcaga tagtaccacg tcacgattgc attgtgtgaa 94394  
 tttaaccct cagct atg ggg agt caa cca acc aac tcg cat ttt act 94442  
 Met Gly Ser Gln Pro Thr Asn Ser His Phe Thr  
 6885 6890  
 tta aac gaa caa acg cta tgt gga act aat atc agt ctt tta gga 94487  
 Leu Asn Glu Gln Thr Leu Cys Gly Thr Asn Ile Ser Leu Leu Gly  
 6895 6900 6905

aat aac cgt	ttt att caa ata ggg	aac ggg ctt cat atg	act tat	94532
Asn Asn Arg	Phe Ile Gln Ile Gly	Asn Gly Leu His Met	Thr Tyr	
6910	6915	6920		
gct ccg ggc	ttc ttc gga aat tgg	agt cgc gat tta aca	att ggc	94577
Ala Pro Gly	Phe Phe Gly Asn Trp	Ser Arg Asp Leu Thr	Ile Gly	
6925	6930	6935		
cct cgc ttt	gga ggt ctg aac aaa	caa ccg ata cat gta	cca cca	94622
Pro Arg Phe	Gly Gly Leu Asn Lys	Gln Pro Ile His Val	Pro Pro	
6940	6945	6950		
aaa cgt aca	gaa acc gcg tct att	caa gta acc ccc cgt	tca att	94667
Lys Arg Thr	Glu Thr Ala Ser Ile	Gln Val Thr Pro Arg	Ser Ile	
6955	6960	6965		
gtt att aat	cgt atg aac aac att	caa ata aat cca act	tca att	94712
Val Ile Asn	Arg Met Asn Asn Ile	Gln Ile Asn Pro Thr	Ser Ile	
6970	6975	6980		
ggt aac ccg	caa gtt acc att aga	ctc ccg tta aat aat	ttt aaa	94757
Gly Asn Pro	Gln Val Thr Ile Arg	Leu Pro Leu Asn Asn	Phe Lys	
6985	6990	6995		
tca acg aca	cag cta atc caa caa	gtg tca tta acc gat	ttt ttt	94802
Ser Thr Thr	Gln Leu Ile Gln Gln	Val Ser Leu Thr Asp	Phe Phe	
7000	7005	7010		
cgt ccg gac	att gag cat gct ggg	tca atc gtc tta atc	ctt cgt	94847
Arg Pro Asp	Ile Glu His Ala Gly	Ser Ile Val Leu Ile	Leu Arg	
7015	7020	7025		
cat cca tct	gac atg att gga gaa	gct aat aca ctt aca	cag gct	94892
His Pro Ser	Asp Met Ile Gly Glu	Ala Asn Thr Leu Thr	Gln Ala	
7030	7035	7040		
gga cgt gac	ccc gat gta cta cta	gag ggt tta cga aac	cta ttc	94937
Gly Arg Asp	Pro Asp Val Leu Leu	Glu Gly Leu Arg Asn	Leu Phe	
7045	7050	7055		
aat gcc tgc	acg gct cct tgg acc	gtt gga gaa ggt ggg	ggg ctt	94982
Asn Ala Cys	Thr Ala Pro Trp Thr	Val Gly Glu Gly Gly	Gly Leu	
7060	7065	7070		
aga gca tat	gta acg tca tta agt	ttc atc gcc gca tgc	cgg gca	95027
Arg Ala Tyr	Val Thr Ser Leu Ser	Phe Ile Ala Ala Cys	Arg Ala	
7075	7080	7085		
gaa gaa tat	acg gat aaa cag gca	gcg gat gcc aac aga	aca gca	95072

Glu	Glu	Tyr	Thr	Asp	Lys	Gln	Ala	Ala	Asp	Ala	Asn	Arg	Thr	Ala		
7090							7095						7100			
att	gtt	tct	gcc	tat	gga	tgc	agt	cgt	atg	gaa	acg	cgg	ctc	ata		95117
Ile	Val	Ser	Ala	Tyr	Gly	Cys	Ser	Arg	Met	Glu	Thr	Arg	Leu	Ile		
7105							7110						7115			
agg	ttt	tcg	gag	tgt	tta	cgt	gcg	atg	gta	caa	tgt	cat	gta	ttt		95162
Arg	Phe	Ser	Glu	Cys	Leu	Arg	Ala	Met	Val	Gln	Cys	His	Val	Phe		
7120							7125						7130			
cca	cat	cga	ttt	ata	agt	ttt	ttt	ggg	tcc	ctg	ctg	gaa	tat	acc		95207
Pro	His	Arg	Phe	Ile	Ser	Phe	Phe	Gly	Ser	Leu	Leu	Glu	Tyr	Thr		
7135							7140						7145			
att	cag	gat	aat	tta	tgc	aat	ata	acc	gcc	gtg	gcc	aaa	ggt	ccc		95252
Ile	Gln	Asp	Asn	Leu	Cys	Asn	Ile	Thr	Ala	Val	Ala	Lys	Gly	Pro		
7150							7155						7160			
caa	gaa	gct	gca	cgt	aca	gac	aaa	act	tca	act	cgc	agg	gtc	aca		95297
Gln	Glu	Ala	Ala	Arg	Thr	Asp	Lys	Thr	Ser	Thr	Arg	Arg	Val	Thr		
7165							7170						7175			
gcc	aac	atc	ccg	gcc	tgc	gta	ttt	tgg	gac	gtt	gac	aaa	gat	tta		95342
Ala	Asn	Ile	Pro	Ala	Cys	Val	Phe	Trp	Asp	Val	Asp	Lys	Asp	Leu		
7180							7185						7190			
cat	ctt	tcc	gcg	gac	gga	ctg	aag	cat	gtg	ttc	ttg	gtt	ttt	gta		95387
His	Leu	Ser	Ala	Asp	Gly	Leu	Lys	His	Val	Phe	Leu	Val	Phe	Val		
7195							7200						7205			
tat	aca	cag	cga	cgc	caa	cga	gaa	ggt	gta	aga	ctg	cat	ctt	gca		95432
Tyr	Thr	Gln	Arg	Arg	Gln	Arg	Glu	Gly	Val	Arg	Leu	His	Leu	Ala		
7210							7215						7220			
tta	agc	caa	cta	aac	gaa	caa	tgt	ttt	ggt	cgt	ggt	att	ggc	ttc		95477
Leu	Ser	Gln	Leu	Asn	Glu	Gln	Cys	Phe	Gly	Arg	Gly	Ile	Gly	Phe		
7225							7230						7235			
ctg	tta	gga	cgc	ata	cga	gct	gaa	aat	gcc	gcc	tgg	ggg	act	gaa		95522
Leu	Leu	Gly	Arg	Ile	Arg	Ala	Glu	Asn	Ala	Ala	Trp	Gly	Thr	Glu		
7240							7245						7250			
ggg	gtt	gca	aat	acc	cac	cag	cca	tat	aac	aca	agg	gcg	ttg	ccg		95567
Gly	Val	Ala	Asn	Thr	His	Gln	Pro	Tyr	Asn	Thr	Arg	Ala	Leu	Pro		
7255							7260						7265			
ctt	gtg	cag	tta	tcc	aat	gac	ccg	aca	agc	cct	cga	tgt	agt	att		95612
Leu	Val	Gln	Leu	Ser	Asn	Asp	Pro	Thr	Ser	Pro	Arg	Cys	Ser	Ile		
7270							7275						7280			

ggc gaa att aca gga gta aat tgg aac ttg gct aga cag cga ttg Gly Glu Ile Thr Gly Val Asn Trp Asn Leu Ala Arg Gln Arg Leu 7285 7290 7295	95657
tat caa tgg acc ggc gat ttt cggtt gga ctt ccc aca caa tta tcc Tyr Gln Trp Thr Gly Asp Phe Arg Gly Leu Pro Thr Gln Leu Ser 7300 7305 7310	95702
tgc atg tat gcg gca tat acg tta att gga aca att cca tca gag Cys Met Tyr Ala Ala Tyr Thr Leu Ile Gly Thr Ile Pro Ser Glu 7315 7320 7325	95747
tct gtg cgt tat aca aga cgc atg gaa cgg ttc gga ggt tat aac Ser Val Arg Tyr Thr Arg Arg Met Glu Arg Phe Gly Gly Tyr Asn 7330 7335 7340	95792
gtg cca act att tgg tta gag ggg gtt gtg tgg ggg ggt aca aat Val Pro Thr Ile Trp Leu Glu Gly Val Val Trp Gly Gly Thr Asn 7345 7350 7355	95837
aca tgg aac gaa tgt tat tat taa agcatgtatg taaaataaac tgaatttaac Thr Trp Asn Glu Cys Tyr Tyr 7360	95891
atagcgtggg tttgcgtga tattatatac tggggagggg caggctgtac gtaaccatat	95951
ataagggagt ctacaatatt gtagaactaa ctcagctgtg agtttagggt taaaagggtt	96011
attccggagc ctaaatacgt tatccgtt atg gag ttc aaa aga att ttt aat Met Glu Phe Lys Arg Ile Phe Asn 7365 7370	96063
acg gtt cat gac att ata aac cga tta tgt caa cat ggc tac aag Thr Val His Asp Ile Ile Asn Arg Leu Cys Gln His Gly Tyr Lys 7375 7380 7385	96108
gaa tac atc att ccg ccc gaa tca acc aca ccg gtg gaa tta atg Glu Tyr Ile Ile Pro Pro Glu Ser Thr Thr Pro Val Glu Leu Met 7390 7395 7400	96153
gag tat att agc act atc gtc tca aaa ctt aag gcg gtg acg cga Glu Tyr Ile Ser Thr Ile Val Ser Lys Leu Lys Ala Val Thr Arg 7405 7410 7415	96198
caa gat gag cga gtg tac cga tgt tgt gga gaa ctt atc cat tgc Gln Asp Glu Arg Val Tyr Arg Cys Cys Gly Glu Leu Ile His Cys 7420 7425 7430	96243
cgt att aac cta cga tcc gtt tcc atg gaa acg tgg ttg act tcc	96288

Arg Ile Asn Leu Arg Ser Val Ser Met Glu Thr Trp Leu Thr Ser			
7435	7440	7445	
cca att ctc tgt tta act ccc cga gtc cgc caa gca att gaa ggg			96333
Pro Ile Leu Cys Leu Thr Pro Arg Val Arg Gln Ala Ile Glu Gly			
7450	7455	7460	
cgg agg gac gaa att cgt cggt gct ata tta gaa ccg ttt ttg aaa			96378
Arg Arg Asp Glu Ile Arg Arg Ala Ile Leu Glu Pro Phe Leu Lys			
7465	7470	7475	
gat caa tac ccc gct tta gct acc ctt gga cta cag tct gct tta			96423
Asp Gln Tyr Pro Ala Leu Ala Thr Leu Gly Leu Gln Ser Ala Leu			
7480	7485	7490	
aag tac gaa gac ttt tat tta act aag tta gag gaa ggt aaa tta			96468
Lys Tyr Glu Asp Phe Tyr Leu Thr Lys Leu Glu Glu Gly Lys Leu			
7495	7500	7505	
gag tcg ctt tgc caa ttc ttt tta aga ctg gcg gcc acc gtg aca			96513
Glu Ser Leu Cys Gln Phe Phe Leu Arg Leu Ala Ala Thr Val Thr			
7510	7515	7520	
aca gaa atc gta aac ctg cct aaa atc gca act ctt att ccc gga			96558
Thr Glu Ile Val Asn Leu Pro Lys Ile Ala Thr Leu Ile Pro Gly			
7525	7530	7535	
ata aat gat ggt tat aca tgg act gat gtc tgt cgg gta ttt ttc			96603
Ile Asn Asp Gly Tyr Thr Trp Thr Asp Val Cys Arg Val Phe Phe			
7540	7545	7550	
aca gcg ttg gca tgt cag aaa att gtc ccg gct aca ccg gtt atg			96648
Thr Ala Leu Ala Cys Gln Lys Ile Val Pro Ala Thr Pro Val Met			
7555	7560	7565	
atg ttt tta ggt cga gag acc ggg gca acg gcc agt tgt tat tta			96693
Met Phe Leu Gly Arg Glu Thr Gly Ala Thr Ala Ser Cys Tyr Leu			
7570	7575	7580	
atg gac ccg gaa tcc atc act gtt ggg aga gct gtt cga gct atc			96738
Met Asp Pro Glu Ser Ile Thr Val Gly Arg Ala Val Arg Ala Ile			
7585	7590	7595	
aca ggc gat gtg gga acg gta tta caa agt cga ggt gga gtg gga			96783
Thr Gly Asp Val Gly Thr Val Leu Gln Ser Arg Gly Gly Val Gly			
7600	7605	7610	
att tct cta cag agt ctg aat tta ata cct acg gaa aat caa acg			96828
Ile Ser Leu Gln Ser Leu Asn Leu Ile Pro Thr Glu Asn Gln Thr			
7615	7620	7625	

aaa ggt ctt	ctt gca gtt tta aaa	ctt tta gat tgc atg	gtt atg	96873
Lys Gly Leu	Leu Ala Val Leu Lys	Leu Leu Asp Cys Met	Val Met	
7630	7635	7640		
gca att aac	agt gat tgt gaa cga	cca act gga gtt tgt	gtt tac	96918
Ala Ile Asn	Ser Asp Cys Glu Arg	Pro Thr Gly Val Cys	Val Tyr	
7645	7650	7655		
ata gaa cca	tgg cac gtc gat cta	caa act gtt ttg gcc	aca cgt	96963
Ile Glu Pro	Trp His Val Asp Leu	Gln Thr Val Leu Ala	Thr Arg	
7660	7665	7670		
gga atg ttg	gtt cgt gat gaa ata	ttt cga tgt gat aac	ata ttt	97008
Gly Met Leu	Val Arg Asp Glu Ile	Phe Arg Cys Asp Asn	Ile Phe	
7675	7680	7685		
tgt tgt tta	tgg acc cca gat tta	ttt ttt gaa aga tac	cta agc	97053
Cys Cys Leu	Trp Thr Pro Asp Leu	Phe Phe Glu Arg Tyr	Leu Ser	
7690	7695	7700		
tat cta aaa	ggg gct agt aat gtt	cag tgg act ctt ttt	gat aac	97098
Tyr Leu Lys	Gly Ala Ser Asn Val	Gln Trp Thr Leu Phe	Asp Asn	
7705	7710	7715		
aga gcc gat	atc ctt cga aca tta	cac ggg gag gca ttc	act tca	97143
Arg Ala Asp	Ile Leu Arg Thr Leu	His Gly Glu Ala Phe	Thr Ser	
7720	7725	7730		
acc tat tta	cgt tta gag aga gaa	gga tta ggc gtt tct	tct gtt	97188
Thr Tyr Leu	Arg Leu Glu Arg Glu	Gly Leu Gly Val Ser	Ser Val	
7735	7740	7745		
ccc att caa	gat atc gca ttc aca	atc ata cgc agt gct	gct gta	97233
Pro Ile Gln	Asp Ile Ala Phe Thr	Ile Ile Arg Ser Ala	Ala Val	
7750	7755	7760		
aca gga agc	ccc ttt tta atg ttc	aaa gat gcc tgt aat	cgt aat	97278
Thr Gly Ser	Pro Phe Leu Met Phe	Lys Asp Ala Cys Asn	Arg Asn	
7765	7770	7775		
tat cat atg	aat acc caa gga aat	gct atc acg ggg tca	aat ttg	97323
Tyr His Met	Asn Thr Gln Gly Asn	Ala Ile Thr Gly Ser	Asn Leu	
7780	7785	7790		
tgt acg gaa	att gtt caa aag gca	gac gct cat caa cat	ggc gta	97368
Cys Thr Glu	Ile Val Gln Lys Ala	Asp Ala His Gln His	Gly Val	
7795	7800	7805		
tgt aat ctt	gcc agc ata aat ctt	aca acg tgc tta tcc	aaa ggc	97413

Cys Asn Leu	Ala Ser Ile Asn Leu	Thr Thr Cys Leu Ser	Lys Gly	
7810	7815	7820		
cca gtg tca	ttt aat tta aac gac	ctt caa ttg aca gca	aga acg	97458
Pro Val Ser	Phe Asn Leu Asn Asp	Leu Gln Leu Thr Ala	Arg Thr	
7825	7830	7835		
act gtt att	ttt tta aac ggg gtc	ctg gcg gct ggg aac	ttt cca	97503
Thr Val Ile	Phe Leu Asn Gly Val	Leu Ala Ala Gly Asn	Phe Pro	
7840	7845	7850		
tgt aaa aaa	tca tgt aaa ggt gta	aaa aac aac cga tca	ctt ggc	97548
Cys Lys Lys	Ser Cys Lys Gly Val	Lys Asn Asn Arg Ser	Leu Gly	
7855	7860	7865		
att ggc ata	caa ggg tta cat aca	act tgt ctc cgc tta	gga ttt	97593
Ile Gly Ile	Gln Gly Leu His Thr	Thr Cys Leu Arg Leu	Gly Phe	
7870	7875	7880		
gat tta act	tcc caa cca gct aga	cgg tta aat gta caa	ata gcg	97638
Asp Leu Thr	Ser Gln Pro Ala Arg	Arg Leu Asn Val Gln	Ile Ala	
7885	7890	7895		
gag tta atg	ttg tat gag aca atg	aaa aca agc atg gaa	atg tgt	97683
Glu Leu Met	Leu Tyr Glu Thr Met	Lys Thr Ser Met Glu	Met Cys	
7900	7905	7910		
aag att ggc	ggc tta gcc ccg ttt	aag ggt ttt acc gaa	agt aaa	97728
Lys Ile Gly	Gly Leu Ala Pro Phe	Lys Gly Phe Thr Glu	Ser Lys	
7915	7920	7925		
tat gct aag	gga tgg tta cac caa	gat ggg ttt tct acg	ata agt	97773
Tyr Ala Lys	Gly Trp Leu His Gln	Asp Gly Phe Ser Thr	Ile Ser	
7930	7935	7940		
tat tta gat	tta cca tgg tgt acc	ctg cga gat gat att	tgc gct	97818
Tyr Leu Asp	Leu Pro Trp Cys Thr	Leu Arg Asp Asp Ile	Cys Ala	
7945	7950	7955		
tat ggg tta	tac aac tcg cag ttc	tta gcg tta atg ccc	aca gtt	97863
Tyr Gly Leu	Tyr Asn Ser Gln Phe	Leu Ala Leu Met Pro	Thr Val	
7960	7965	7970		
tca tct gca	cag gta acg gag tgc	agt gag ggt ttc tct	cca att	97908
Ser Ser Ala	Gln Val Thr Glu Cys	Ser Glu Gly Phe Ser	Pro Ile	
7975	7980	7985		
tat aat aat	atg ttt agt aag gtc	acc acc tcg ggt gag	tta ctt	97953
Tyr Asn Asn	Met Phe Ser Lys Val	Thr Thr Ser Gly Glu	Leu Leu	
7990	7995	8000		

aga ccc aac tta gac ctt atg gac gaa cta aga gat atg tat tca Arg Pro Asn Leu Asp Leu Met Asp Glu Leu Arg Asp Met Tyr Ser 8005 8010 8015	97998
tgt gaa gaa aaa cga ctg gaa gtt ata aac ata ctt gag aaa aac Cys Glu Glu Lys Arg Leu Glu Val Ile Asn Ile Leu Glu Lys Asn 8020 8025 8030	98043
caa tgg tca gta ata cgt tcg ttt ggc tgt tta tct aat agt cac Gln Trp Ser Val Ile Arg Ser Phe Gly Cys Leu Ser Asn Ser His 8035 8040 8045	98088
cca ctc tta aaa tat aaa aca gcg ttt gaa tat gag caa gag gat Pro Leu Leu Lys Tyr Lys Thr Ala Phe Glu Tyr Glu Gln Glu Asp 8050 8055 8060	98133
ctc gtt gat atg tgt gca gaa agg gcg cca ttt att gac caa agt Leu Val Asp Met Cys Ala Glu Arg Ala Pro Phe Ile Asp Gln Ser 8065 8070 8075	98178
caa tca atg act tta ttt att gag gaa cgc cca gac ggg aca att Gln Ser Met Thr Leu Phe Ile Glu Glu Arg Pro Asp Gly Thr Ile 8080 8085 8090	98223
ccc gcc tcc aaa ata atg aat ttg ctt ata cgt gcc tat aaa gcc Pro Ala Ser Lys Ile Met Asn Leu Leu Ile Arg Ala Tyr Lys Ala 8095 8100 8105	98268
ggc ctt aaa acg ggt atg tac tac tgt aaa att cgt aaa gct acg Gly Leu Lys Thr Gly Met Tyr Tyr Cys Lys Ile Arg Lys Ala Thr 8110 8115 8120	98313
aac agc gga ctg ttt gcg gga ggc gaa tta acc tgt acc agt tgt Asn Ser Gly Leu Phe Ala Gly Gly Glu Leu Thr Cys Thr Ser Cys 8125 8130 8135	98358
gct tta taa attcacacgg gaaactattc caaa atg gat cag aaa gat tgc Ala Leu Met Asp Gln Lys Asp Cys 8140 8145	98409
agt cat ttt ttt tac agg ccg gag tgt cca gat ata aac aat tta Ser His Phe Phe Tyr Arg Pro Glu Cys Pro Asp Ile Asn Asn Leu 8150 8155 8160	98454
cgt gcc ctg agc att tcg aat cgt tgg tta gaa agc gat ttt atc Arg Ala Leu Ser Ile Ser Asn Arg Trp Leu Glu Ser Asp Phe Ile 8165 8170 8175	98499
att gaa gat gat tat caa tac ttg gac tgt tta acg gaa gat gaa	98544

Ile	Glu	Asp	Asp	Tyr	Gln	Tyr	Leu	Asp	Cys	Leu	Thr	Glu	Asp	Glu	
					8180				8185					8190	
ctt	ata	tcc	tac	aga	ttt	att	ttt	aca	ttt	tta	tcg	gcg	gca	gat	98589
Leu	Ile	Phe	Tyr	Arg	Phe	Ile	Phe	Thr	Phe	Leu	Ser	Ala	Ala	Asp	
					8195				8200					8205	
gat	ctg	gta	aat	gtt	aat	ttg	ggc	tct	cta	acc	caa	ctc	ttt	tcc	98634
Asp	Leu	Val	Asn	Val	Asn	Leu	Gly	Ser	Leu	Thr	Gln	Leu	Phe	Ser	
					8210				8215					8220	
caa	aag	gat	att	cac	cat	tac	tac	att	gaa	caa	gag	tgc	atc	gag	98679
Gln	Lys	Asp	Ile	His	His	Tyr	Tyr	Ile	Glu	Gln	Glu	Cys	Ile	Glu	
					8225				8230					8235	
gtt	gtc	cac	gcg	cgt	gtc	tat	agt	caa	att	caa	cta	atg	ttg	tcc	98724
Val	Val	His	Ala	Arg	Val	Tyr	Ser	Gln	Ile	Gln	Leu	Met	Leu	Phe	
					8240				8245					8250	
aga	ggg	gat	gaa	tcg	ttg	cg	gta	caa	tac	gta	aat	gtc	act	att	98769
Arg	Gly	Asp	Glu	Ser	Leu	Arg	Val	Gln	Tyr	Val	Asn	Val	Thr	Ile	
					8255				8260					8265	
aat	aat	ccg	tcg	atc	caa	caa	aaa	gta	caa	tgg	ttg	gaa	gaa	aag	98814
Asn	Asn	Pro	Ser	Ile	Gln	Gln	Lys	Val	Gln	Trp	Leu	Glu	Glu	Lys	
					8270				8275					8280	
gta	cgg	gac	aac	cca	tcc	gtt	gca	gaa	aaa	tat	ata	cta	atg	att	98859
Val	Arg	Asp	Asn	Pro	Ser	Val	Ala	Glu	Lys	Tyr	Ile	Leu	Met	Ile	
					8285				8290					8295	
ctt	ata	gag	ggc	att	ttt	ttt	gta	tca	tcg	ttc	gcg	gct	att	gca	98904
Leu	Ile	Glu	Gly	Ile	Phe	Phe	Val	Ser	Ser	Phe	Ala	Ala	Ile	Ala	
					8300				8305					8310	
tat	tta	cgc	aat	aac	gga	cta	ttt	gtt	gta	act	tgt	caa	ttt	aac	98949
Tyr	Leu	Arg	Asn	Asn	Gly	Leu	Phe	Val	Val	Thr	Cys	Gln	Phe	Asn	
					8315				8320					8325	
gac	ctt	ata	agc	cga	gat	gaa	gcc	ata	cat	acc	agc	gca	tcg	tgt	98994
Asp	Leu	Ile	Ser	Arg	Asp	Glu	Ala	Ile	His	Thr	Ser	Ala	Ser	Cys	
					8330				8335					8340	
tgt	ata	tac	aat	aac	tat	gta	ccc	gaa	aaa	ccc	gct	atc	acc	aga	99039
Cys	Ile	Tyr	Asn	Asn	Tyr	Val	Pro	Glu	Lys	Pro	Ala	Ile	Thr	Arg	
					8345				8350					8355	
ata	cat	caa	ctg	ttt	tcg	gaa	gcc	gtt	gaa	atc	gag	tgt	gcg	ttt	99084
Ile	His	Gln	Leu	Phe	Ser	Glu	Ala	Val	Glu	Ile	Glu	Cys	Ala	Phe	
					8360				8365					8370	

tta aaa tcc cat gca ccc aaa acc cgt ttg gtg aac gtc gat gca	99129
Leu Lys Ser His Ala Pro Lys Thr Arg Leu Val Asn Val Asp Ala	
8375 8380 8385	
att aca caa tac gtg aaa ttc agc gcg gac agg ctt tta tca gcg	99174
Ile Thr Gln Tyr Val Lys Phe Ser Ala Asp Arg Leu Leu Ser Ala	
8390 8395 8400	
att aat gta cca aaa cta ttt aac acc cca cct ccc gat tcg gac	99219
Ile Asn Val Pro Lys Leu Phe Asn Thr Pro Pro Pro Asp Ser Asp	
8405 8410 8415	
ttt cca ctt gca ttt atg att gca gat aaa aac aca aat ttt ttt	99264
Phe Pro Leu Ala Phe Met Ile Ala Asp Lys Asn Thr Asn Phe Phe	
8420 8425 8430	
gag aga cac agt aca tct tat gcg ggc aca gtg ata aac gat tta	99309
Glu Arg His Ser Thr Ser Tyr Ala Gly Thr Val Ile Asn Asp Leu	
8435 8440 8445	
taa catgtatata cgagcaaaat aaaacaatga accattaagt cgctttatg	99362
tgtgttttaa ttccaatatt ttgttaatac agtgttagt gggagtggag taggaataaa	99422
ctgtttaaaa atacgtgcgt attggcgagc catttttcc cccttaagt tatgatataa	99482
ggtgttaata accatatatg ggtctgccgt atttgcata atattcacac gtttcatcaa	99542
ctttaggcga ccgcgggtca atggagttac cacggcgatt atatgttcaa caaatgcgcg	99602
ttccaaatta tccaatgggg aggatgaggg tggcagaagg tttaagccc aactggcgtc	99662
tactgtcacc tccgatcggt tagatgcata ttggaaacg gacactccgt tttctgttt	99722
acccgacgtg gctacgtaa gactttgaa aacctcgcca tgtctccacg agtcgtaagt	99782
gggggagcgc gttgaagtgt ccatttgatg tggaacttgc aggcggtat cctgaataac	99842
ttgctgaaca gattttaggt tgtcacttgt atgcaaatcg gtctgacagc gaacaaaggc	99902
aaccaaaaat tcagggatg taattcctaa atattgaagc aaatcgacatc atcgactac	99962
tggagcaaac ataggaatttgcatctaacaat aatatcacag cccatgaaga gtaaatcagt	100022
atctgtcgta taaaccaag ccactgtacg cgtatgaaat aagttgcac atgcctcgac	100082
cgcctcaatg tcaaccgcct cgacgtatgc atacccatc catctaataa gacttgcaca	100142
caatttgcata tataatcgat gtttaggatg tcctcgat ggcattgttag aggttaagact	100202

gcatacgtt tggtcgcga ggcagatcg ctgtcagtt tgtcgtggac aaccgtccaa 100262  
 aaacatatcc tgggatttgt tttcttcgct aggaatacaa ctcgtggaag agtttcgaaa 100322  
 cacactgtca tatgttccg atgtttgtt atacttgata gaacatgatg tggatggatga 100382  
 tagtagaaca cgggttaagt ccgagggtcc ccttcatcg tggtcatgg cccgtgacat 100442  
 aattgccttg gctccacgtg ataatgggcc gtctgtacaa cggtccaata caaatatcgg 100502  
 atagtatgac cggtgtgtta atagcccaa taagactcca agacaatgta tcgttacaga 100562  
 tggtccgtgt aaattctcgc gtttacccac agggtataaa cggtccaaca atgtgtacat 100622  
 gacgttccat acgtctaccg ccacgggggt taaaactccg ggtggcggt 100682  
 gggtttaacc agtttatgtt catggataaa gcgtgtcagt ccaaagagcc ccatcaatac 100742  
 acttaaccaa gtttatatcg tcttgtaaaa ggttacagag cggcttcagt aattctcga 100802  
 tgtgatcttg tgttaattac agacgtatat aatgatgtac atattttta tgacaaacat 100862  
 tacatcaaatt ctggtaactt cttacgtatt ttattgcaca gtccctatta aggaacaccc 100922  
 cctgtattgg aacacgtgga aatgttccct cccatgggcc gtactattca aatatcatgc 100982  
 ctgtttatgt acttaagtca ccggatcggt taaaacaaac atattaacga aactcgtgt 101042  
 tttacatatg attactttt ctatagtaaa cattttaaatg agtaaattt atg gat ttg 101099  
 Met Asp Leu

agg	tcg	cgt	aca	gac	gat	gct	ttg	gac	atg	gaa	ttg	cat	gcg	ggt	101144
Arg	Ser	Arg	Thr	Asp	Asp	Ala	Leu	Asp	Met	Glu	Leu	His	Ala	Gly	
8450															

ttt	gac	gcc	cca	gaa	atc	gcc	aga	gct	gtt	tta	acg	gaa	aaa	acg	101189
Phe	Asp	Ala	Pro	Glu	Ile	Ala	Arg	Ala	Val	Leu	Thr	Glu	Lys	Thr	
8465															

ctt	act	ggt	tta	att	tcg	tct	ata	tca	cct	ctg	gtt	aat	aga	cta	101234
Leu	Thr	Gly	Leu	Ile	Ser	Ser	Ile	Ser	Pro	Leu	Val	Asn	Arg	Leu	
8480															

agg	gat	tct	att	tta	ata	ttc	agc	gac	gaa	gga	tta	att	att	cac	101279
Arg	Asp	Ser	Ile	Leu	Ile	Phe	Ser	Asp	Glu	Gly	Leu	Ile	Ile	His	
8495															

tgt	agt	ttg	gaa	aca	gaa	caa	ctg	tat	att	cct	ata	ccg	gca	aat	101324

Cys Ser Leu Glu Thr Glu Gln	Leu Tyr Ile Pro Ile	Pro Ala Asn	
8510	8515	8520	
atg ttt gac cag tat aat tgg	act ggg ccg aga atg	gtt gta ctc	101369
Met Phe Asp Gln Tyr Asn Trp	Thr Gly Pro Arg Met	Val Val Leu	
8525	8530	8535	
gcg gca acg gag gga cg	tcc tcg ctt att gac gcg	ttt cgc cat	101414
Ala Ala Thr Glu Gly Arg Ser	Ser Leu Ile Asp Ala	Phe Arg His	
8540	8545	8550	
aca aaa gat ccg tcg acc cca	aca ccg tta tat ttt	aaa ttt acc	101459
Thr Lys Asp Pro Ser Thr Pro	Thr Arg Leu Tyr Phe	Lys Phe Thr	
8555	8560	8565	
gga caa ccc ccc gag cg	agt att atc caa acg atg	gta tgg caa	101504
Gly Gln Pro Pro Glu Arg Ser	Ile Ile Gln Thr Met	Val Trp Gln	
8570	8575	8580	
cgc ccg ggt gat tgt ggt cca	gat gat caa gta caa	tgt tac aaa	101549
Arg Pro Gly Asp Cys Gly Pro	Asp Asp Gln Val Gln	Cys Tyr Lys	
8585	8590	8595	
caa gtt gta aaa cgt gaa ctc	gct tgt tat aca atg	atg ttt cca	101594
Gln Val Val Lys Arg Glu Leu	Ala Cys Tyr Thr Met	Met Phe Pro	
8600	8605	8610	
aat cta act cca gat ata agc	att tgc tta aaa cgc	gat caa ttc	101639
Asn Leu Thr Pro Asp Ile Ser	Ile Cys Leu Lys Arg	Asp Gln Phe	
8615	8620	8625	
acc cgt tta cag cga cta ctt	aaa act ttt ggg ttt	aca aca tgc	101684
Thr Arg Leu Gln Arg Leu Leu	Lys Thr Phe Gly Phe	Thr Thr Cys	
8630	8635	8640	
ttc att cta aca gcc acg gat	atg tac atc cag acc	gcc ggg ggt	101729
Phe Ile Leu Thr Ala Thr Asp	Met Tyr Ile Gln Thr	Ala Gly Gly	
8645	8650	8655	
ggt ttt atc tca ttt aat gtt	tcc ttg gat ata aac	gga agc aag	101774
Gly Phe Ile Ser Phe Asn Val	Ser Leu Asp Ile Asn	Gly Ser Lys	
8660	8665	8670	
cct aca cca tat aat tta ata	cgc tca atc aca aat	tca aaa agg	101819
Pro Thr Pro Tyr Asn Leu Ile	Arg Ser Ile Thr Asn	Ser Lys Arg	
8675	8680	8685	
atc ctt aat aat gtt gtt tat	ggc agc ggg agt atg	cgt gaa ttt	101864
Ile Leu Asn Asn Val Val Tyr	Gly Ser Gly Ser Met	Arg Glu Phe	
8690	8695	8700	

gga gta tta ttg gaa aca cac agt gga ttc cgt tct gcc gta caa		101909
Gly Val Leu Leu Glu Thr His Ser Gly Phe Arg Ser Ala Val Gln		
8705 8710 8715		
aat ctt aag tta aca cg <sup>g</sup> gat gag acg tgt tat att aat ttt tat		101954
Asn Leu Lys Leu Thr Arg Asp Glu Thr Cys Tyr Ile Asn Phe Tyr		
8720 8725 8730		
ctc gcc tta act aac tcc ccc atg gtt gga ttg tat atc caa cgt		101999
Leu Ala Leu Thr Asn Ser Pro Met Val Gly Leu Tyr Ile Gln Arg		
8735 8740 8745		
tcc gca ccc gtg cat tct ttt ttt tat gca acg ttc tta agt ccc		102044
Ser Ala Pro Val His Ser Phe Phe Tyr Ala Thr Phe Leu Ser Pro		
8750 8755 8760		
aaa gac ctt aaa gaa aaa tta acc tcg atg caa tta ttt gcg aac		102089
Lys Asp Leu Lys Glu Lys Leu Thr Ser Met Gln Leu Phe Ala Asn		
8765 8770 8775		
atg gaa tct gtg aag gat gaa cca cca tta aaa aaa aga cgc aat		102134
Met Glu Ser Val Lys Asp Glu Pro Pro Leu Lys Lys Arg Arg Asn		
8780 8785 8790		
tta tta aca aaa aga aac gaa aaa aat acc gga aat aaa atg ggg		102179
Leu Leu Thr Lys Arg Asn Glu Lys Asn Thr Gly Asn Lys Met Gly		
8795 8800 8805		
ggg aaa ctc ccc gaa acc aca tgg cag gag gga atc gga att cgc		102224
Gly Lys Leu Pro Glu Thr Thr Trp Gln Glu Gly Ile Gly Ile Arg		
8810 8815 8820		
gaa tat tgt gtg gct cct cca gtg gac cct gca gga acc ctg gat		102269
Glu Tyr Cys Val Ala Pro Pro Val Asp Pro Ala Gly Thr Leu Asp		
8825 8830 8835		
tat tct gaa tta tca cgt gaa tct gac gta ata tgt aca gtt aaa		102314
Tyr Ser Glu Leu Ser Arg Glu Ser Asp Val Ile Cys Thr Val Lys		
8840 8845 8850		
taa gtgcaacttt tgcttatatt ttacatacaa acttgtgtgt accatagatg		102367
aacacattt tatttgttt gaattattaa acttaagac atg gcc gtg aat ggt		102421
Met Ala Val Asn Gly		
8855		
gaa aga gct gtc cat gat gaa aac ctg ggt gtg tta gac aga gaa		102466
Glu Arg Ala Val His Asp Glu Asn Leu Gly Val Leu Asp Arg Glu		
8860 8865 8870		

tta atc	cgc gct caa tca atc	caa gga tgt gtc gga	aac cct caa	102511
Leu Ile	Arg Ala Gln Ser Ile	Gln Gly Cys Val Gly	Asn Pro Gln	
8875	8880	8885		
gaa tgt	aat tcg tgt gca ata	acc tca gca tcg cgg	ttg ttt ctc	102556
Glu Cys	Asn Ser Cys Ala Ile	Thr Ser Ala Ser Arg	Leu Phe Leu	
8890	8895	8900		
gtg gga	cta caa gca agc gtt	atc acg tcc ggg tta	att tta caa	102601
Val Gly	Leu Gln Ala Ser Val	Ile Thr Ser Gly Leu	Ile Leu Gln	
8905	8910	8915		
tat cac	gtc tgc gaa gct gcc	gtc aat gca act att	atg ggg ttg	102646
Tyr His	Val Cys Glu Ala Ala	Val Asn Ala Thr Ile	Met Gly Leu	
8920	8925	8930		
atc gtc	gtt tcg ggg tta tgg	cca aca tcc gtg aaa	ttt cta cgc	102691
Ile Val	Val Ser Gly Leu Trp	Pro Thr Ser Val Lys	Phe Leu Arg	
8935	8940	8945		
aca tta	gca aaa ttg gga cga	tgt ttg cag acg gtg	gtc gtg ttg	102736
Thr Leu	Ala Lys Leu Gly Arg	Cys Leu Gln Thr Val	Val Val Leu	
8950	8955	8960		
ggt ttt	gct gtg tta tgg gcg	gtt ggt tgc cca ata	tcc cgg gat	102781
Gly Phe	Ala Val Leu Trp Ala	Val Gly Cys Pro Ile	Ser Arg Asp	
8965	8970	8975		
ctt cca	ttt gta gaa tta ctg	gga att tcc ata tcc	gcg att acc	102826
Leu Pro	Phe Val Glu Leu Leu	Gly Ile Ser Ile Ser	Ala Ile Thr	
8980	8985	8990		
gga aca	gtg gct gtc gtg cat	atc cat tac tac aac	ttt gtt acg	102871
Gly Thr	Val Ala Ala Val His	Ile His Tyr Tyr Asn	Phe Val Thr	
8995	9000	9005		
aca ttc	aat gga ccg cat att	tat ttt tat gtt atg	atg ttg gga	102916
Thr Phe	Asn Gly Pro His Ile	Tyr Phe Tyr Val Met	Met Leu Gly	
9010	9015	9020		
act ggg	ttg gga ggt tta cta	acc gtt att tta tat	atg tat gtc	102961
Thr Gly	Leu Gly Gly Leu Leu	Thr Val Ile Leu Tyr	Met Tyr Val	
9025	9030	9035		
agt aaa	tat gag gtt ctt att	gga ttg tgt ata tct	att gtc aca	103006
Ser Lys	Tyr Glu Val Leu Ile	Gly Leu Cys Ile Ser	Ile Val Thr	
9040	9045	9050		
cta gtt	tca att gtc gat gcc	gcc acc gat ttg caa	gat acg tgt	103051

Leu Val Ser Ile Val Asp Ala Ala Thr Asp Leu Gln Asp Thr Cys			
9055	9060	9065	
ata tat cgt aaa aat cgc cat aag caa tta aac act tat aca gat			103096
Ile Tyr Arg Lys Asn Arg His Lys Gln Leu Asn Thr Tyr Thr Asp			
9070	9075	9080	
tta ggt ttt gcc gtt gta tat aca caa aat gac cgc ggg aga gta			103141
Leu Gly Phe Ala Val Val Tyr Thr Gln Asn Asp Arg Gly Arg Val			
9085	9090	9095	
tgt gac cat cga gaa agt tcc cg acc ctt aaa cgc gtg ttt aaa			103186
Cys Asp His Arg Glu Ser Ser Arg Thr Leu Lys Arg Val Phe Lys			
9100	9105	9110	
gga att cgt ata atg tct gtt ata ccc ccg gtg tta tat ata gtt			103231
Gly Ile Arg Ile Met Ser Val Ile Pro Pro Val Leu Tyr Ile Val			
9115	9120	9125	
acc cca tta atg tgg gca atc tca cat ata att aaa tta aat cat			103276
Thr Pro Leu Met Trp Ala Ile Ser His Ile Ile Lys Leu Asn His			
9130	9135	9140	
ttt atc aaa ctt aca caa gta acg tta gca gtt tca ata gga ggt			103321
Phe Ile Lys Leu Thr Gln Val Thr Leu Ala Val Ser Ile Gly Gly			
9145	9150	9155	
cat att ata gca ttt ggg tta cag ggt ttt gcc gtt tta tat caa			103366
His Ile Ile Ala Phe Gly Leu Gln Gly Phe Ala Val Leu Tyr Gln			
9160	9165	9170	
gaa aaa aaa aac cta tgg gta att gta tta tat aca acg acc tcg			103411
Glu Lys Lys Asn Leu Trp Val Ile Val Leu Tyr Thr Thr Ser			
9175	9180	9185	
gtg acg ggt ata gct gta aca ttt gcc ggc att tca tgg gga gct			103456
Val Thr Gly Ile Ala Val Thr Phe Ala Gly Ile Ser Trp Gly Ala			
9190	9195	9200	
att ata att cta aca tca aca gtt gcg gcg ggt ttg acg tgt att			103501
Ile Ile Ile Leu Thr Ser Thr Val Ala Ala Gly Leu Thr Cys Ile			
9205	9210	9215	
cag atg atg aga cta agc gtt aaa cct att gac tgt ttt atg gca			103546
Gln Met Met Arg Leu Ser Val Lys Pro Ile Asp Cys Phe Met Ala			
9220	9225	9230	
tct cat atc act aaa gta tat cac gtg tgt gtt tat att ata ata			103591
Ser His Ile Thr Lys Val Tyr His Val Cys Val Tyr Ile Ile Ile			
9235	9240	9245	

aat cta tgc tat cta tgt ggt aca tat gta tcg taa tcgagataaa		103637
Asn Leu Cys Tyr Leu Cys Gly Thr Tyr Val Ser		
9250	9255	
taaagtttt aaagttgcaa aagccgtttt tattattccc aatgtcgaaa aaaacgttc 103697		
catcattaa attccgcgtt gggtgtttt atctttatt taaggggagc gtggatgtgt 103757		
caataaaaac cagg atg aag cgg ata caa ata aat tta att tta acg		103804
Met Lys Arg Ile Gln Ile Asn Leu Ile Leu Thr		
9260	9265	9270
atc gcg tgt ata caa tta tcg act gaa tct caa ccc aca ccc gta		103849
Ile Ala Cys Ile Gln Leu Ser Thr Glu Ser Gln Pro Thr Pro Val		
9275	9280	9285
agt ata act gaa tta tat acc tcg gcc gct acc cga aag ccc gat		103894
Ser Ile Thr Glu Leu Tyr Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp		
9290	9295	9300
ccc gcc gtc gcg ccc acc tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc		103939
Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro		
9305	9310	9315
gcc gtc gcg ccc acc tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc gcc		103984
Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala		
9320	9325	9330
gtc gcg ccc acc tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc gcc gtc		104029
Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val		
9335	9340	9345
gcg ccc acc tcg gcc gct acc cga aag ccc gat ccc gcc gtc gcg		104074
Ala Pro Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala		
9350	9355	9360
ccc acc tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc gcc gtc gcg ccc		104119
Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro		
9365	9370	9375
acc tcg gcc gct acc cga aag ccc gat ccc gcc gtc gcg ccc acc		104164
Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr		
9380	9385	9390
tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc gca gcc aac acc caa cat		104209
Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Ala Asn Thr Gln His		
9395	9400	9405
tca caa cca cct ttt cta tat gaa aat ata caa tgc gtt cac ggc		104254

Ser Gln Pro Pro Phe	Leu Tyr Glu Asn Ile	Gln Cys Val His Gly	
9410	9415	9420	
gga ata caa tcc ata	ccc tat ttt cac aca	ttt atc atg cct tgt	104299
Gly Ile Gln Ser Ile	Pro Tyr Phe His Thr	Phe Ile Met Pro Cys	
9425	9430	9435	
tac atg cgt cta acg	acc gga caa cag gcg	gcc ttt aag cag caa	104344
Tyr Met Arg Leu Thr	Thr Gly Gln Gln Ala	Ala Phe Lys Gln Gln	
9440	9445	9450	
caa aaa aca tat gaa	caa tat tct tta gat	ccg gaa ggt tca aat	104389
Gln Lys Thr Tyr Glu	Gln Tyr Ser Leu Asp	Pro Glu Gly Ser Asn	
9455	9460	9465	
ata aca agg tgg aag	tcg ctt ata cgc ccc	gat ctt cat att gaa	104434
Ile Thr Arg Trp Lys	Ser Leu Ile Arg Pro	Asp Leu His Ile Glu	
9470	9475	9480	
gtt tgg ttt acg cgt	cac ctt ata gat ccg	cac cgt caa ctg ggc	104479
Val Trp Phe Thr Arg	His Leu Ile Asp Pro	His Arg Gln Leu Gly	
9485	9490	9495	
aat gcg tta ata cgc	atg cca gat tta ccg	gtt atg tta tat agc	104524
Asn Ala Leu Ile Arg	Met Pro Asp Leu Pro	Val Met Leu Tyr Ser	
9500	9505	9510	
aac agt gcc gat tta	aac tta ata aac aac	cct gag ata ttt aca	104569
Asn Ser Ala Asp Leu	Asn Leu Ile Asn Asn	Pro Glu Ile Phe Thr	
9515	9520	9525	
cac gct aag gaa aat	tat gta ata cca gat	gtt aaa aca acg tct	104614
His Ala Lys Glu Asn	Tyr Val Ile Pro Asp	Val Lys Thr Thr Ser	
9530	9535	9540	
gat ttt tct gta aca	att tta tct atg gat	gct acc acg gag gga	104659
Asp Phe Ser Val Thr	Ile Leu Ser Met Asp	Ala Thr Thr Glu Gly	
9545	9550	9555	
acg tat att tgg cga	gtc gtt aat aca aaa	act aag aac gtc ata	104704
Thr Tyr Ile Trp Arg	Val Val Asn Thr Lys	Thr Lys Asn Val Ile	
9560	9565	9570	
tcg gaa cac agt att	aca gtt aca acg tat	tat cgt cca aat att	104749
Ser Glu His Ser Ile	Thr Val Thr Thr Tyr	Tyr Arg Pro Asn Ile	
9575	9580	9585	
acc gtt gtc ggc gat	cca gtc tta acc gga	cag aca tac gca gcc	104794
Thr Val Val Gly Asp	Pro Val Leu Thr Gly	Gln Thr Tyr Ala Ala	
9590	9595	9600	

tac tgt aac gta tca	aag tat tat cca ccg	cac tcg gta cgt gtt	104839
Tyr Cys Asn Val Ser	Lys Tyr Tyr Pro Pro	His Ser Val Arg Val	
9605	9610	9615	
cgg tgg act tca agg	ttt ggt aac atc gga	aaa aat ttt ata acc	104884
Arg Trp Thr Ser Arg	Phe Gly Asn Ile Gly	Lys Asn Phe Ile Thr	
9620	9625	9630	
gat gca ata caa gaa	tat gcc aat gga tta	ttt agt tat gtt tcg	104929
Asp Ala Ile Gln Glu	Tyr Ala Asn Gly Leu	Phe Ser Tyr Val Ser	
9635	9640	9645	
gcg gta cga att cca	cag caa aaa caa atg	gat tac cca ccc cca	104974
Ala Val Arg Ile Pro	Gln Gln Lys Gln Met	Asp Tyr Pro Pro Pro	
9650	9655	9660	
gcc atc caa tgt aat	gtt tta tgg att cgg	gat ggc gtc tct aat	105019
Ala Ile Gln Cys Asn	Val Leu Trp Ile Arg	Asp Gly Val Ser Asn	
9665	9670	9675	
atg aaa tat tct gct	gtc gtt acc cct gac	gtc tat cca ttt ccc	105064
Met Lys Tyr Ser Ala	Val Val Thr Pro Asp	Val Tyr Pro Phe Pro	
9680	9685	9690	
aac gtg tct ata ggt	att att gat gga cac	ata gta tgt acg gca	105109
Asn Val Ser Ile Gly	Ile Ile Asp Gly His	Ile Val Cys Thr Ala	
9695	9700	9705	
aaa tgt gtg cca cgt	ggc gtt gta cat ttc	gta tgg tgg gtt aac	105154
Lys Cys Val Pro Arg	Gly Val Val His Phe	Val Trp Trp Val Asn	
9710	9715	9720	
gat tct ccc att aac	cac gaa aac agt gag	att act ggg gtg tgt	105199
Asp Ser Pro Ile Asn	His Glu Asn Ser Glu	Ile Thr Gly Val Cys	
9725	9730	9735	
gat caa aac aaa cgg	ttt gta aac atg caa	agt tct tgt cca aca	105244
Asp Gln Asn Lys Arg	Phe Val Asn Met Gln	Ser Ser Cys Pro Thr	
9740	9745	9750	
tcg gaa ctc gac gga	cct atc acc tat tcg	tgt cat cta gat ggt	105289
Ser Glu Leu Asp Gly	Pro Ile Thr Tyr Ser	Cys His Leu Asp Gly	
9755	9760	9765	
tac cct aaa aaa ttc	cct ccg ttt tcg gcc	gtt tat acc tac gat	105334
Tyr Pro Lys Lys Phe	Pro Pro Phe Ser Ala	Val Tyr Thr Tyr Asp	
9770	9775	9780	
gca tct acc tac gcc	act aca ttt tcc gtt	gta gca gtt ata att	105379

Ala Ser Thr Tyr Ala	Thr Thr Phe Ser Val	Val Ala Val Ile Ile	
9785	9790	9795	
ggg gtt atc tct atc ctt ggg aca ttg ggt ctt atc gca gtt atc 105424			
Gly Val Ile Ser Ile	Leu Gly Thr Leu Gly	Leu Ile Ala Val Ile	
9800	9805	9810	
gca acc cta tgc atc cgt tgc tgt tca taa acagaaacca accaaacgca 105474			
Ala Thr Leu Cys Ile	Arg Cys Cys Ser		
9815			
tctgtgtata tcattttatt acattcgaa cacatctact gtcttgacaa catttaaaaa 105534			
tccattaaag agccatttcc atttttaggg gggggtgtgg attatatcca tcaagctgaa 105594			
aatcgcccc tttaaagtgc tttatatctg ttacatttcg aataattta aggcaaggaa 105654			
aaggttttgg ggatcgagct agctgcactt ttaaagcatc tatatgattc aagtaaatat 105714			
gtgcattccc cattgtatga attaaatctc cggttttaag tcctgtaaca tgcgctacta 105774			
tgttaggtaag aagtgcatac ccagcaatgt tgaacggta cccaggccc atatccccg 105834			
atctctggta tactggcag gataattcac cgtttgcac gtaaaactga cataacgtgt 105894			
gacatggagg tagtaccatt aaggggatat cctttggatt ccaagacgat ataatcattc 105954			
gtcggcttc tgggtttgtt ttaattgtat ctataacagt ttgcagctga tcgattcctt 106014			
gctgtaaata gttgattga cagtcttat attccgctcc aaaatgtctc cactggaagc 106074			
cgtaaatggg gccaaaggccc cccgtgtgtc tttatggaa gccattccta tttagaaatt 106134			
tgctcgatcc gtatatatcc catatgtgtat tatcttagc ggcgagttct ttgaaatcgg 106194			
ttgaccccgat gataaaccat aacaactctt ccacgacggc cctccaaaaa acacgcttg 106254			
tagttaaaag agggaaattca ttgcacaaat tgtatcgagc ttgcattcca aataaagata 106314			
acgttccgat tcctgttcga tcgcgtttcc gaactccata cctttaaaata tcatccactt 106374			
gttttaagta ctgaagttcg ccggtaacgt taaaacccgg caccttgc caacatgaca 106434			
agtctccat ggtaccggta ataatcgta aatacaaacg accacttgat attgtggta 106494			
cattaagtaa aatttaaagg agtaattcct ttataaaccc aatcaaccaa tcagaccc 106554			
aaataacgca gtccaaattat tgaacagaaa atacgcaata gactatttc tcccaaattcc 106614			
cccaatttta acctgggtgt ggaaatgacc gccaaagtgc ctagtccata actatctatt 106674			

aaccgctgta cttaatgatg actcttaggc gtattttcc taaacgtaac cgtggttta 106734  
catctaacgg gaacgtcggt gggataaaaa tctggtgata agtcatcgac tgtatgcatt 106794  
tctccggagg tgtacccggtt aaggctatcc acatccaggt ctgaagatga gttaaaaccc 106854  
acttccttgg gtggtatatt ttcatatacg tgatcattta aagatgcttgg 106914  
tgacgtaaat ccgatcttgcgtt gtcaaaccatt gtgtttgatt catcccgaac cgacccctca 106974  
tattccgcct ttatccgggt gtaatgatca ggatacgttgg 107034  
gtatggccata tgtccagaca gtgggtttt cggacagttt catccaaacc cgtgtctgga 107094  
cgaactaaaaa cgcgagaagt ccgctgtcta ttgtatcgg gtgctatact gtttaacgg 107154  
gcttctgtat taattacatg cgaacttgca ttacgtcgtt cagataaata atttccgtt 107214  
aacacagacac attccaaatt ccctataacctt gtccctattt gagatcccag tcgattaaaa 107274  
cgaatatacg gctgatcaga cacactcgat gtttcggata tacgtcttaa atgtaacgga 107334  
gtataccgtt tactggcgcc aagaacctga gcataatact ttgtgggttt accccatgt 107394  
gctaaaaatac tctgcgccac ggcccgaa aaccacatat gggtgctgg 107454  
acccaactgt gtgttgacat tttctgacc aactgacccg caaaatataa aaaccgtccc 107514  
tgggcacgta gcgccttaa tatataagga tcgttaatc ccccatcccc ccaacatgca 107574  
tatccaataa gcatcatatt aattaagtat tgaaaatggt ggtgaaaag cgtaataagt 107634  
tcaaccgccc caacaattgc agctgcgggtt ccattaaac catccgcca ctcttcctt 107694  
cgccataata cactaatacg caaaagcgca gtaagagcgc tggcagttgt tgctgctaaa 107754  
ataaacgcaa ctccgtgcc cgctgagacc gcaggacccg ttttaatg tcgtctaagc 107814  
aaatcatctg gaataacaga cgcgccggc cctcgaatcc gtcgaaattt aagtttgaga 107874  
tggcgacata ccctggcgcc cacaacgtcc aagaaccata acatccaccc gtagccagta 107934  
gccgtgtaag ccgcaatttc ttgtacacgtt attcttgtat ccgggctggg gttttaggaa 107994  
tcatctggac gcataaaata cataacttt tgacagctc ctaacgcctc acgtagctcc 108054  
tgacatatttcccgtaatc cgaatttata acttttagatt taaaaggatg tctggatatt 108114  
ggtttatgg caactacgga tgaaaacaac aaaaccgtgg attttagactt tttatattacc 108174

ttctctgaag tcaccggta ctcggctcgtt gtagatactg ccaatatgt 108234  
tttcataaaa cccaccaaag tccatccccaa gaaagttca ggtcatccaa acatcttga 108294  
attgtttcca tataacgctg cataaaccggta ctagaacat cgtagacat acacgagacc 108354  
accaacgatt caggaacatt attatggtgtt aatccaagca gaacactgtg tctttcggt 108414  
ctttgtaaaa ccggcgatgt taggctgtcg gtctttcag ataaaggc tt taccggcgtc 108474  
tccaaagcct cgccggcggt tggaataaga catccatccc tcacgcgtc gctggttatg 108534  
cggtggaaaa tagaacacca gtcccggtta ggtgtggca aatcacgttc gccggcatta 108594  
aaacttttgtt aactaccatc ataagatttgc cgcgttctat catcgctgga aaaggaacgc 108654  
gcaaaccgag aaaacattgc gatatggaca aatttatct tggtaaaggc gatcctc acg 108714  
gaccccccac acaacacaca caacaaattt taaggtctaa acagagattt tattttacaa 108774  
actcctttgtt gggtgtggct aggaaacgtt ct tttcatcc taatgaaaaa aatcacaacc 108834  
cttaatattt tcgttagtaaa tgcatggcta cgctttcca atccaaaccc agaatttcat 108894  
tcctgtattt cataagattt tcggcttaggt ccacggaggg aatggctgt tctcgggat 108954  
agatggtctc caatcccaca aaacggaagt tcattctat aggtgatgcc tgaactatcc 109014  
tgtcttgctc tttggtaaa acgtccgttg tcggtcgaat ccccaaagtt tgcattgcat 109074  
catcgccgtc tttccaaaag gatgttaaag tttggtgagc gtaaagagga cttgctgcca 109134  
acattaaagt attatatgca tctaaaatac ctcggggat gtaaattgaa catcctccgt 109194  
acaacgcagc accggagaga agcaacaaaa gaagatttgc atgacccaac acccgttgc 109254  
acaataaaac ggcccccagg tacgcgttta ccattaaatc ggtctactt tccttataac 109314  
aatcgccaaa ctctatcata aaatttgcgg ctgctgtgcg aacagcctca tatccggta 109374  
attcgtgtgc aatagttgcg taggattcac aaacagttgg gaggtgcacc tcgcctaaca 109434  
gtaataccctc taaatcacat aacaggtcac tattaaaccgg gatatagtt tagggcagag 109494  
attcacagac cgcgatgtaa gccgaacggg aatggtaagg agcagctaaa tacattgcag 109554  
ttgctctaca gatccagttc aacattcctc caccaagagt aacatacaac gtaaaaaatg 109614  
acgctaacat ttcccggttcc gttgggttaa attgtggctt taaactatgt gtacgtgaaa 109674

ataaaaacca ttcggcaagt tccatgtgac cggttagcata tcgcaccaaa gatgtagatg 109734  
gttcacttat agcaattctt agttcgggcc aatatgccaa cgccccaaaa aaaccacgca 109794  
taatggcaac cggtggaccc cgattggca aaaccaactg tgtcacttgg agtacgtcgg 109854  
gtacggcttc tcgtggtaat ccggcaagat ggtcttctaa ccaacatgga tcccccacgc 109914  
caaaaattatc gttacgtccc aaaaaaatac agtttgcgct aatacgaatt gccgcgtcta 109974  
acaaaaaatcc taatccatct ccatgtgaaa tgcgattaga aatagcgcat gctgctgtgg 110034  
ataatatcat gtgatgccaa atggccgttc cttggcccac agcacgtaag gacacgtcat 110094  
aaaaccagg aatgtgttgt acatacattt tacccgcatt atatggaagt gcgtagacgg 110154  
aattccaacg cgggcccgtat ttatgtgttt tactggaagc ccgcctatct aaaaatacat 110214  
cttcaactaa aatacgttct atagaaattg gctggccat aaattcaata ggaaaaaatca 110274  
ataaaaagttc accaagtgtc atgttaggaa gggctggat agttctaaa atctgtgggg 110334  
gtgtcatccg ggaagtatca aactgatacc gtaaatgaat tgggtcgtat aatccttgga 110394  
ccgtaatata ttgcgcacgg gtacattcgc gcatagcaaa ccaggactca tcaaaccat 110454  
tatgcgctaa catagagcct gttaggtaa caggttcaac acaacgtttt gatacattaa 110514  
gttccttga taccgcaggg tccataacct ttgcaatgcg aagatcgta ctgtaactta 110574  
tttccgggtc taacgtaaaa taaacctcat ccgcgtctcg actgcaaact tgacttacag 110634  
aaaaataatc ctccctcgcc tctccctcgt cgtcgatcgc gtcctcctcc gccgcgtcct 110694  
cctccgcctc tccctcgctc tcgatcgctc ctcgcctcc ctctccctcc tccgcctc 110754  
cctccctccgc ctctccctcc tccgcctc ctcgcgtc aatcggtcc tcctccgcct 110814  
ctccctccctc cgcctctccc tcgtcgtaa tcgcgtcctc ctccgcctct ccctccctcg 110874  
cctctccctc gtcgtcgatc gcgtcctcct ccgcctctcc ctccctccg tctccctcgt 110934  
cgtcgatcgc gtccgtattt atgttgattt ctcatttc ttccctctcc gttaaattaa 110994  
atatgcgatt ttcatgtctg gaagttgatg tattttgttc ggatccatta tatgtagaat 111054  
gatgtaaaggc gatcccgga aaatcatccg atgcgtcaga actgctgtcc tgatccatct 111114  
cgaggttcag tagttcttga accgcaacta atgtttctga attggacaat atctgggttg 111174

ggtgtgtata ccaattgggtt gaccgataac gtgttcgtg tgtgtgacgg ggggagtcgt 111234  
tggtattaga cgatatccgc tgcggcggg attgcctccg gttataatga cccgactgca 111294  
tacttataac cgagacaaac aaacgcgcct gtaaaaacatc ccagggtcgc ggtacgcaat 111354  
acgcatacac tcgttggggc ttctttata tatgggactt tagagcacat gacagacata 111414  
ccatatacgg cgcatgttaa aaataaaaaa cgcatgcacg tttcgtaat ttatcac 111474  
cctctacccc aatgacgtt aacgcgttaa aaacccacac gtgggtggc gtgggtggc 111534  
ccccggcagg atctcgatg gggacggagg tgctaaaatc atagcttcga tgctactacc 111594  
gtagttctta tttcaacaa ctttcgta agatgatcc gctcgatcat gtctcggttc 111654  
ttgaggatgt ttgaccgcat atgcgtctaa cttagccta atgtggtggg taagaaaacc 111714  
caccgaccgt ggtaaatgaa ccgaaaatga gggttgttga accaacggag atttgtttc 111774  
ttcaacaaga ccacatctaa ctagaggcag tcccagttct cggcggcgg 111834  
cctcaaggca gacgctgtta gtggttccc ttctaataac acaatgccgt gggtgcataa 111894  
tacaggatga aacgcacacg tgaactgtcg acgttcggc 111954  
aaacacgtcc ggggtgtcag attgactggc gtacaaacgc cagaaaatt cacgcgttac 112014  
ggttaaatat aaatgttagt acagaagacg cgccaaactt gccacctcac gataatatct 112074  
aagtagaata ctggcctga gttcggtta agctttctgg tcagggttt gtatattaag 112134  
acctattgtc gtcctttcg ccgttccttg gagataacgt ataatcgatt tacaataagt 112194  
aactagtagt tttgtgtatg cttttcccg ggcgcgttagt tctacggtaa acgaatcctg 112254  
gacccctga acgtaagctg gaagccccgt cggttgctt ggtggactag gcaatcgaac 112314  
ggaaccccggtt gttgttaat taaacattt aacatggtct ttgggtgaaa cggttgagat 112374  
aacgtcatct ggatccgggg ataaaaaccat catatcgaa tataggcct cattaatagg 112434  
aaaacatgag aataaattcct cggtccaggt ttcaagacat gatagtaaac gcggccctc 112494  
tggaaaaatca agatcccgta ttaactgtt atataaaatt ttagggctag ctacccaagg 112554  
cgagacgga gcagtttaa ctgcgtgtga atataacgac gttcaaatac caatatccga 112614  
tgctacatca ccaaacaacg attcatcaa tgcgtccaca accgcttgcgtt ccgtttact 112674

acgattccac gtagtctgtac taggatgttc ggttcctaaa ttacactcca tacttataga 112734  
gtaaaatctt tagttaaat aagcgattcc ctttatcaaa acccgccgtc taatgggtt 112794  
tgtttggtag caactgatta taaactgttc ataataccac gtggtactat ttaaacagtt 112854  
tataatatgt gacatataat acacattat aataaacaca aaccacgact gtctttata 112914  
cgtttattta ttatacataa taccggtaa accgttactg cgtaattata tccctatTTT 112974  
cgctgtatcag ttcttgatgc agaacggcc ctacttcgt tagtatacg cccagtcgtt 113034  
tgtgtatccg ttgcacttt tggcttacga acttgtgcgt acataggttc attacccatg 113094  
ccccctgta aatctccagt tttcgatta tgtccacgtt tggttaccga tgctccttca 113154  
cctaggctcg ctccattagc ggcttgatt aaatttaaac cctcatgcac cgtaatacga 113214  
ataacggctc cggttaacaa acggctaat tcggcgttat tccttgggg attactattc 113274  
caagccgctt cggcagccctt ttgtgccctgc atggcggcta cgccggac cgcttcacaa 113334  
aagacgcgtt tgttatatga tggcgttagga ccgcaccacg agcttgtgc ggttttttgtt 113394  
gcagtgctga aggaaattgg tctccgctg gcaattgcgc ctgctccgg gggagctcgc 113454  
ttcggtgaat cctctaattt aggttaacc gccgcatttt tagtaaaaga tctagatggt 113514  
ttttctacac ttagcgggtt ttcatataca gcatctcaa ccagttcatg tctcaaacgg 113574  
gcctccgaa aggcggccac tacttcatcg atgtctcaa agtcatctc cgatccgctg 113634  
gagtcgttgcgtt gttgatgtac gcgaggggtc gtatTTTt gttcaaaata aagatccgac 113694  
tacactggag aaggagaatc ggcccaact gtggtaatgt aacccaacga gtcgtctgaa 113754  
tcatcggggg gtcctacgac cacacttcgc cgccgcgttc gatattgtcc ggaataacta 113814  
ggcgttgcgtt tacgacgcac tgcattagag cgacaaagtc tgtcaccgtc ggaagatgcc 113874  
attacgtaaa taaacgatag ggtcgtaaaa tatccaaaca cggcagacccg cgtattaaac 113934  
agggccctc ttatacacgc ctgcccTTT tataggcaaa cgggttacc acgtgctgac 113994  
taatacagaa cgagtaaata accggaaaca cgcatgataa gctaacgaaa taaggctac 114054  
acacaccccc aaaaggatg cgtagaagaa aagggtggtg atcattgatc cgatcgatata 114114  
aactccacga gccgaacagc tggcatgcca aaaattccgt tctgcaaagt ttggctcccc 114174

actgctgtct tcacaaaaaaa ataaaaatttgcatcgattttt aat atg aac gaa gcg 114229  
 Met Asn Glu Ala  
 9820

gta att gat ccc atc ttg gaa acg gca gta aat aca ggt gat atg 114274  
 Val Ile Asp Pro Ile Leu Glu Thr Ala Val Asn Thr Gly Asp Met  
 9825 9830 9835

ttt tgt agc caa act att ccg aat cggttgtttaaaa gat aca att 114319  
 Phe Cys Ser Gln Thr Ile Pro Asn Arg Cys Leu Lys Asp Thr Ile  
 9840 9845 9850

tta ata gaa gtt caa cct gaa tgt gca gat acg ctg caa tgc gtg 114364  
 Leu Ile Glu Val Gln Pro Glu Cys Ala Asp Thr Leu Gln Cys Val  
 9855 9860 9865

tta gac gat aaa gta agt cga cat caa ccgttg tta ctc cgaaac 114409  
 Leu Asp Asp Lys Val Ser Arg His Gln Pro Leu Leu Leu Arg Asn  
 9870 9875 9880

cac aag aaa ctc gaa ctg cca tct gaa aaa tct gta aca cggggc 114454  
 His Lys Lys Leu Glu Leu Pro Ser Glu Lys Ser Val Thr Arg Gly  
 9885 9890 9895

ggt ttt tat atg cag cag ttg gag ctg ttg gtt aag tcg gcgcct 114499  
 Gly Phe Tyr Met Gln Gln Leu Glu Leu Leu Val Lys Ser Ala Pro  
 9900 9905 9910

ccc aat gaa tac gca ctg ttg tta att caa tgc aaa gat act gcc 114544  
 Pro Asn Glu Tyr Ala Leu Leu Leu Ile Gln Cys Lys Asp Thr Ala  
 9915 9920 9925

ctt gct gat gaa gac aat ttt ttt gtc gcc aac gga gtt att gat 114589  
 Leu Ala Asp Glu Asp Asn Phe Phe Val Ala Asn Gly Val Ile Asp  
 9930 9935 9940

gcg ggt tac aga gga gta att tca gcc ctt ttg tat tac cgccca 114634  
 Ala Gly Tyr Arg Gly Val Ile Ser Ala Leu Leu Tyr Tyr Arg Pro  
 9945 9950 9955

gga gta acc gtt att tta ccc gga cat tta aca atc tac ttg ttc 114679  
 Gly Val Thr Val Ile Leu Pro Gly His Leu Thr Ile Tyr Leu Phe  
 9960 9965 9970

ccg gta aaa tta aga caa agt cgc ctt ctc cca aaa aac gtt ctt 114724  
 Pro Val Lys Leu Arg Gln Ser Arg Leu Leu Pro Lys Asn Val Leu  
 9975 9980 9985

aaa cat ctg gat cca att ttt aaa tcg ata caa gtt caa ccc tta 114769

Lys	His	Leu	Asp	Pro	Ile	Phe	Lys	Ser	Ile	Gln	Val	Gln	Pro	Leu	
9990							9995					10000			
tca	aac	tcg	ccg	tca	aat	tat	gaa	aaa	ccc	gtt	ata	cct	gaa	ttt	114814
Ser	Asn	Ser	Pro	Ser	Asn	Tyr	Glu	Lys	Pro	Val	Ile	Pro	Glu	Phe	
10005							10010					10015			
gct	gat	att	tcc	acg	gta	cag	cag	ggg	caa	cct	tta	cat	agg	gat	114859
Ala	Asp	Ile	Ser	Thr	Val	Gln	Gln	Gly	Gln	Pro	Leu	His	Arg	Asp	
10020							10025					10030			
tct	gca	gaa	tac	cat	atc	gat	gtt	ccc	tta	acc	tac	aaa	cat	atc	114904
Ser	Ala	Glu	Tyr	His	Ile	Asp	Val	Pro	Leu	Thr	Tyr	Lys	His	Ile	
10035							10040					10045			
atc	aat	cca	aaa	cgc	caa	gaa	gac	gcg	gga	tat	gat	att	tgt	gta	114949
Ile	Asn	Pro	Lys	Arg	Gln	Glu	Asp	Ala	Gly	Tyr	Asp	Ile	Cys	Val	
10050							10055					10060			
cca	tat	aac	cta	tat	tta	aaa	agg	aat	gaa	ttt	ata	aaa	att	gtc	114994
Pro	Tyr	Asn	Leu	Tyr	Leu	Lys	Arg	Asn	Glu	Phe	Ile	Lys	Ile	Val	
10065							10070					10075			
tta	ccg	att	ata	aga	gac	tgg	gac	tta	caa	cat	ccg	agt	ata	aac	115039
Leu	Pro	Ile	Ile	Arg	Asp	Trp	Asp	Leu	Gln	His	Pro	Ser	Ile	Asn	
10080							10085					10090			
gct	tat	att	ttt	gga	aga	tca	tcg	aaa	agc	cga	tca	ggc	att	atc	115084
Ala	Tyr	Ile	Phe	Gly	Arg	Ser	Ser	Lys	Ser	Arg	Ser	Gly	Ile	Ile	
10095							10100					10105			
gtg	tgt	cca	acg	gca	tgg	cct	gca	gga	gaa	cac	tgt	aaa	ttc	tac	115129
Val	Cys	Pro	Thr	Ala	Trp	Pro	Ala	Gly	Glu	His	Cys	Lys	Phe	Tyr	
10110							10115					10120			
gta	tat	aat	ctc	acg	ggt	gat	gac	ata	cgt	ata	aaa	acg	gga	gat	115174
Val	Tyr	Asn	Leu	Thr	Gly	Asp	Asp	Ile	Arg	Ile	Lys	Thr	Gly	Asp	
10125							10130					10135			
cgt	ctt	gca	cag	gtc	ctg	tta	ata	gat	cac	aac	acc	caa	ata	cac	115219
Arg	Leu	Ala	Gln	Val	Leu	Leu	Ile	Asp	His	Asn	Thr	Gln	Ile	His	
10140							10145					10150			
tta	aaa	cac	aac	gtt	tta	agt	aat	att	gca	ttt	cct	tat	gct	atc	115264
Leu	Lys	His	Asn	Val	Leu	Ser	Asn	Ile	Ala	Phe	Pro	Tyr	Ala	Ile	
10155							10160					10165			
cgc	ggt	aaa	tgt	ggc	ata	ccg	ggt	gta	caa	tgg	tat	ttt	act	aaa	115309
Arg	Gly	Lys	Cys	Gly	Ile	Pro	Gly	Val	Gln	Trp	Tyr	Phe	Thr	Lys	
10170							10175					10180			

acg tta gat cta ata gcc aca ccc agc gaa cg<sup>g</sup> gga acg cgt gga 115354  
 Thr Leu Asp Leu Ile Ala Thr Pro Ser Glu Arg Gly Thr Arg Gly  
 10185 10190 10195

ttt ggt tca act gat aaa gaa aca aac gat gtc gat ttt cta cta 115399  
 Phe Gly Ser Thr Asp Lys Glu Thr Asn Asp Val Asp Phe Leu Leu  
 10200 10205 10210

aaa cat taa atgtaataac cacgccagcc agcaatgttt taattttata 115448  
 Lys His  
 10215

tacaaaataa aaacatacac cagaaacgtt tttagtttt atttcaatat ttatacaagc 115508  
 ataacatggg atttcttgat cgcgggggtt gtgcgttgta catcttcgt ctgtttggg 115568  
 gtcaacacgg gctgaagagt ttctgtcggta tacgttttt ttgttaggtt agatgtgtta 115628  
 ttatccgata cttctataag tgggggttta atttcagata attgtgtcgc ctccgattta 115688  
 ataggtgatg ttttaaacc cacatttcc ccttagcta tagataattc atggttgtgg 115748  
 gaaacatcaa acgatgcctg aggttagca acgacccaa gagtttctc caaaagaaca 115808  
 acatcagaca tgaccacttc actttcagcg gtcattctca gggtttgcattc gacaatata 115868  
 tccgtagtaa catccaccgc gccaaccgat aaatacaaattt gggtaattgc agctaaacac 115928  
 atatcagcaa gccgtttga gttttccatg tgtgaacgga ccacggcggtt aagaccgggg 115988  
 ttatcttcag taaaatggtg ctgtttaaa cattcaatgt tacgagaaca tgcagcgtaa 116048  
 gttcgccca aaggctggc gcggacccaa cgacgggtat tatctgcaga agcgactacg 116108  
 tcttctaactg ttagaggtgc aggcaataat ccattcacag cggttaaagc ctcttgagg 116168  
 cggagcaggg cggctccttg ggggtgcgtg ttacacgca cctttcata agatggctct 116228  
 tcagttggta ttgcgacataag tccacataag ctggcacaca ccgtctgcat gattgactgg 116288  
 ctttccaaacg tattgaact atg gat aaa tcc tcc aaa ccg acg att cg<sup>g</sup> 116337  
 Met Asp Lys Ser Ser Lys Pro Thr Ile Arg  
 10220 10225

tta tta ttt gcc aca aag gga tgt gca atc tcc cac tcg ctg ttg 116382  
 Leu Leu Phe Ala Thr Lys Gly Cys Ala Ile Ser His Ser Leu Leu  
 10230 10235 10240

ttg ctt acc ggg cag ata agc aca gaa cct ctg tat gtg gtg agt 116427

Leu	Leu	Thr	Gly	Gln	Ile	Ser	Thr	Glu	Pro	Leu	Tyr	Val	Val	Ser	
10245					10250					10255					
tat	act	tgg	act	ccc	gac	tta	gat	gac	gtc	ttt	gtc	aaa	aat	ggg	116472
Tyr	Thr	Trp	Thr	Pro	Asp	Leu	Asp	Asp	Val	Phe	Val	Lys	Asn	Gly	
10260					10265					10270					
agg	gaa	gag	atc	acg	caa	gta	atc	cca	act	aaa	cgc	cca	cgt	gaa	116517
Arg	Glu	Glu	Ile	Thr	Gln	Val	Ile	Pro	Thr	Lys	Arg	Pro	Arg	Glu	
10275					10280					10285					
gta	act	gaa	aac	gat	gaa	gaa	aac	caa	ata	atg	cat	tta	ttt	tgt	116562
Val	Thr	Glu	Asn	Asp	Glu	Glu	Asn	Gln	Ile	Met	His	Leu	Phe	Cys	
10290					10295					10300					
agt	agg	gac	gtc	aac	gtt	att	ttt	tat	tta	att	ggt	gga	ttt	tca	116607
Ser	Arg	Asp	Val	Asn	Val	Ile	Phe	Tyr	Leu	Ile	Gly	Gly	Phe	Ser	
10305					10310					10315					
act	gga	gat	gta	cga	tcc	cgg	gtc	tgg	cct	ata	ttt	ttt	tgt	tgt	116652
Thr	Gly	Asp	Val	Arg	Ser	Arg	Val	Trp	Pro	Ile	Phe	Phe	Cys	Cys	
10320					10325					10330					
ttt	aaa	acc	caa	act	gat	ttt	aaa	gct	tta	tat	aag	gcg	tta	tgg	116697
Phe	Lys	Thr	Gln	Thr	Asp	Phe	Lys	Ala	Leu	Tyr	Lys	Ala	Leu	Trp	
10335					10340					10345					
tat	gga	gca	ccc	cta	aat	ccg	cat	ata	ata	tct	gat	acc	cta	tgt	116742
Tyr	Gly	Ala	Pro	Leu	Asn	Pro	His	Ile	Ile	Ser	Asp	Thr	Leu	Cys	
10350					10355					10360					
ata	tcg	gag	acg	ttt	gac	att	cac	tcg	gaa	gtt	ata	caa	act	ctg	116787
Ile	Ser	Glu	Thr	Phe	Asp	Ile	His	Ser	Glu	Val	Ile	Gln	Thr	Leu	
10365					10370					10375					
atg	gta	aca	aca	cac	cat	tta	aac	cga	aag	gga	tta	tcg	gac	aac	116832
Met	Val	Thr	Thr	His	His	Leu	Asn	Arg	Lys	Gly	Leu	Ser	Asp	Asn	
10380					10385					10390					
ggc	cta	tgc	atc	aca	gag	gca	aca	ctc	tgc	aag	tta	gtt	aaa	aaa	116877
Gly	Leu	Cys	Ile	Thr	Glu	Ala	Thr	Leu	Cys	Lys	Leu	Val	Lys	Lys	
10395					10400					10405					
tcc	gtt	ggt	cgt	cag	gag	cta	aca	tca	tta	tat	gcc	cat	tac	gaa	116922
Ser	Val	Gly	Arg	Gln	Glu	Leu	Thr	Ser	Leu	Tyr	Ala	His	Tyr	Glu	
10410					10415					10420					
cgt	caa	gta	ttg	gct	gca	tat	cga	cga	ctc	tac	tgg	ggg	tat	gga	116967
Arg	Gln	Val	Leu	Ala	Ala	Tyr	Arg	Arg	Leu	Tyr	Trp	Gly	Tyr	Gly	
10425					10430					10435					

tgc tcg ccg ttt tgg Cys Ser Pro Phe Trp	tat att gtt cga ttt Tyr Ile Val Arg Phe	gga ccc tct gaa aaa Gly Pro Ser Glu Lys	117012
10440	10445	10450	
acg cta gtg ttg gct Thr Leu Val Leu Ala	aca cgc tat tac ttg Thr Arg Tyr Tyr Leu	tta caa acg gac aca Leu Gln Thr Asp Thr	117057
10455	10460	10465	
agt tac aat acg ttg Ser Tyr Asn Thr Leu	gaa acc ccc tta tat Glu Thr Pro Leu Tyr	gac tta cag gca att Asp Leu Gln Ala Ile	117102
10470	10475	10480	
aaa gat ttg ttt tta Lys Asp Leu Phe Leu	act tac caa gtc ccg Thr Tyr Gln Val Pro	gca tta cct aat tgt Ala Leu Pro Asn Cys	117147
10485	10490	10495	
agt ggg tac aat att Ser Gly Tyr Asn Ile	tcg gac ttg ttg tct Ser Asp Leu Leu Ser	ttt gat aaa ctt tcc Phe Asp Lys Leu Ser	117192
10500	10505	10510	
atg ttt tgt tgt tcc Met Phe Cys Cys Ser	tca aca tat aca cga Ser Thr Tyr Thr Arg	ggt ttg aca gcc aaa Gly Leu Thr Ala Lys	117237
10515	10520	10525	
aat gct cta tcg tac Asn Ala Leu Ser Tyr	att tta cag cga ata Ile Leu Gln Arg Ile	cat aca gac aca acg His Thr Asp Thr Thr	117282
10530	10535	10540	
gaa ata cac gca gta Glu Ile His Ala Val	tcg gag tat att acc Ser Glu Tyr Ile Thr	aac gat aga aaa ggc Asn Asp Arg Lys Gly	117327
10545	10550	10555	
ctt aaa gtt cca gac Leu Lys Val Pro Asp	cgt gaa ttt gtt gat Arg Glu Phe Val Asp	tat att tat ctg gca Tyr Ile Tyr Leu Ala	117372
10560	10565	10570	
cat ttt gaa tgt ttc His Phe Glu Cys Phe	aat cgg aaa cag atc Asn Arg Lys Gln Ile	gca gac cac cta caa Ala Asp His Leu Gln	117417
10575	10580	10585	
gcg gtt aca tac tca Ala Val Thr Tyr Ser	gat ttt gtg aat aaa Asp Phe Val Asn Lys	ccg gtc ctc tta aaa Pro Val Leu Leu Lys	117462
10590	10595	10600	
tca tcc aac ctg gga Ser Ser Asn Leu Gly	aaa aga gct act gct Lys Arg Ala Thr Ala	aat ttt ttt aat cat Asn Phe Phe Asn His	117507
10605	10610	10615	
gta cgt tct cgt ctc aac atg cgt gac tat	ata aaa aag aac gta		117552

Val	Arg	Ser	Arg	Leu	Asn	Met	Arg	Asp	Tyr	Ile	Lys	Lys	Asn	Val	
				10620					10625					10630	
att	tgt	gat	gtc	act	gaa	ctt	gga	cct	gag	att	gga	cat	aaa	tat	117597
Ile	Cys	Asp	Val	Thr	Glu	Leu	Gly	Pro	Glu	Ile	Gly	His	Lys	Tyr	
				10635					10640					10645	
aca	att	act	aaa	aca	tat	act	tta	agt	ctt	acg	tat	gcc	gca	aaa	117642
Thr	Ile	Thr	Lys	Thr	Tyr	Thr	Leu	Ser	Leu	Thr	Tyr	Ala	Ala	Lys	
				10650					10655					10660	
cct	agc	aag	ttt	ata	ggc	gta	tgt	gac	cta	gct	aca	acg	cta	act	117687
Pro	Ser	Lys	Phe	Ile	Gly	Val	Cys	Asp	Leu	Ala	Thr	Thr	Leu	Thr	
				10665					10670					10675	
cgt	cgt	gtg	gaa	aac	att	gaa	aaa	caa	ttt	agt	cca	tat	gga	tgg	117732
Arg	Arg	Val	Glu	Asn	Ile	Glu	Lys	Gln	Phe	Ser	Pro	Tyr	Gly	Trp	
				10680					10685					10690	
tcc	tcc	act	att	ccc	tca	aat	cca	ccc	ggt	ttt	gac	gaa	ttg	tct	117777
Ser	Ser	Thr	Ile	Pro	Ser	Asn	Pro	Pro	Gly	Phe	Asp	Glu	Leu	Ser	
				10695					10700					10705	
aat	ttt	gag	gat	tcg	ggt	gtt	tcc	gcg	gag	gcg	tta	cga	gca	gcc	117822
Asn	Phe	Glu	Asp	Ser	Gly	Val	Ser	Ala	Glu	Ala	Leu	Arg	Ala	Ala	
				10710					10715					10720	
aac	ttt	gca	aac	gat	aca	cct	aac	caa	agt	ggt	cgt	act	ggt	ttt	117867
Asn	Phe	Ala	Asn	Asp	Thr	Pro	Asn	Gln	Ser	Gly	Arg	Thr	Gly	Phe	
				10725					10730					10735	
gat	acg	agc	ccg	ggg	att	aca	aaa	cta	tta	ctg	ttt	ttc	tct	gct	117912
Asp	Thr	Ser	Pro	Gly	Ile	Thr	Lys	Leu	Leu	Leu	Phe	Phe	Ser	Ala	
				10740					10745					10750	
gcc	act	ggg	ata	gcc	aca	cat	gat	tcc	atc	ctg	agt	tat	aaa		117957
Ala	Thr	Gly	Ile	Ala	Thr	His	Asp	Val	Ser	Ile	Leu	Ser	Tyr	Lys	
				10755					10760					10765	
act	cca	tta	gaa	gcc	ctc	atc	ggc	cat	tct	gag	gta	act	gga	cca	118002
Thr	Pro	Leu	Glu	Ala	Leu	Ile	Gly	His	Ser	Glu	Val	Thr	Gly	Pro	
				10770					10775					10780	
atg	cct	gta	tat	cg	gta	gcc	ttg	cct	cac	ggc	gcc	caa	gca	ttt	118047
Met	Pro	Val	Tyr	Arg	Val	Ala	Leu	Pro	His	Gly	Ala	Gln	Ala	Phe	
				10785					10790					10795	
gct	gtt	att	gct	aat	gat	acg	tgg	tca	tca	ata	aca	aac	cgt	tac	118092
Ala	Val	Ile	Ala	Asn	Asp	Thr	Trp	Ser	Ser	Ile	Thr	Asn	Arg	Tyr	
				10800					10805					10810	

act tta ccg cac gag	gct cga tta att gcg	gag gac ctt aaa caa	118137
Thr Leu Pro His Glu	Ala Arg Leu Ile Ala	Glu Asp Leu Lys Gln	
10815	10820	10825	
att aat cca tgt aat	ttt gtt gcc gct tca	cta cga gat atg cag	118182
Ile Asn Pro Cys Asn	Phe Val Ala Ala Ser	Leu Arg Asp Met Gln	
10830	10835	10840	
ttg act tta cta tta	tct acg tct gtt aaa	aac gtt tct aaa att	118227
Leu Thr Leu Leu Leu	Ser Thr Ser Val Lys	Asn Val Ser Lys Ile	
10845	10850	10855	
tca tca aac ata ccc	aaa gat cag ctt tat	ata aac agg aat gag	118272
Ser Ser Asn Ile Pro	Lys Asp Gln Leu Tyr	Ile Asn Arg Asn Glu	
10860	10865	10870	
cta ttt aat aca aat	ctt ata atc aca aac	ctc ata ctt gat gta	118317
Leu Phe Asn Thr Asn	Leu Ile Ile Thr Asn	Leu Ile Leu Asp Val	
10875	10880	10885	
gac ttt cat ata aga	aaa ccc atc cca ttg	ggt att tta cat gcc	118362
Asp Phe His Ile Arg	Lys Pro Ile Pro Leu	Gly Ile Leu His Ala	
10890	10895	10900	
ggc atg cga gca ttt	cgt cat ggt att tta	acg gcc atg caa tta	118407
Gly Met Arg Ala Phe	Arg His Gly Ile Leu	Thr Ala Met Gln Leu	
10905	10910	10915	
ctt ttt cca aag gcc	gtg gta aac cct aac	aaa gac cca tgt tat	118452
Leu Phe Pro Lys Ala	Val Val Asn Pro Asn	Lys Asp Pro Cys Tyr	
10920	10925	10930	
ttt tat aaa act gca	tgt cct gaa cct acc	gtt gag gtg ttg gat	118497
Phe Tyr Lys Thr Ala	Cys Pro Glu Pro Thr	Val Glu Val Leu Asp	
10935	10940	10945	
gat gat aat tta ttg	gat ata acc agc cat	tct gac atc gat ttt	118542
Asp Asp Asn Leu Leu	Asp Ile Thr Ser His	Ser Asp Ile Asp Phe	
10950	10955	10960	
tac ata gaa aat ggc	gaa tta tac acg tgt	gta gaa gag aat tat	118587
Tyr Ile Glu Asn Gly	Glu Leu Tyr Thr Cys	Val Glu Glu Asn Tyr	
10965	10970	10975	
aca gag gat gta tgg	ttt ttt gat aca cag	aca acg tct gaa gtc	118632
Thr Glu Asp Val Trp	Phe Phe Asp Thr Gln	Thr Thr Ser Glu Val	
10980	10985	10990	
cat aca cac gcc gat	gta tca aac aat gaa	aac ttg cat gaa act	118677

His	Thr	His	Ala	Asp	Val	Ser	Asn	Asn	Glu	Asn	Leu	His	Glu	Thr	10995	11000	11005
Leu	Pro	Cys	Asn	Cys	Lys	Glu	Lys	Ile	Gly	Phe	Arg	Val	Cys	Val	11010	11015	11020
Pro	Ile	Pro	Asn	Pro	Tyr	Ala	Leu	Val	Gly	Ser	Ser	Thr	Leu	Lys	11025	11030	11035
Gly	Phe	Ala	Gln	Ile	Leu	Gln	Gln	Ala	Val	Leu	Leu	Glu	Arg	Glu	11040	11045	11050
Phe	Val	Glu	Tyr	Ile	Gly	Pro	Tyr	Leu	Arg	Asp	Phe	Ser	Phe	Ile	11055	11060	11065
Asp	Thr	Gly	Val	Tyr	Ser	His	Gly	His	Ser	Leu	Arg	Leu	Pro	Phe	11070	11075	11080
Phe	Ser	Lys	Val	Thr	Thr	Thr	Gly	Thr	Ala	Val	Gly	Gln	Leu	Leu	11085	11090	11095
Pro	Phe	Tyr	Val	Val	Pro	Glu	Gln	Cys	Ile	Asp	Ile	Leu	Ala	Phe	11100	11105	11110
Val	Thr	Ser	His	Arg	Asn	Pro	Ala	Asn	Phe	His	Phe	His	Ser	Arg	11115	11120	11125
Pro	Gln	Ser	Asn	Val	Pro	Val	Gln	Phe	Ile	Leu	His	Asn	Leu	Gly	11130	11135	11140
Gly	Glu	Tyr	Ala	Glu	Phe	Phe	Glu	Arg	Lys	Val	Ala	Arg	Asn	Lys	11145	11150	11155
Gln	Ile	Phe	Ser	Ser	Pro	Gln	Ile	Ser	Leu	Thr	Lys	Ala	Leu	Lys	11160	11165	11170
Glu	Arg	Gly	Val	Thr	Cys	Leu	Asp	Ala	Phe	Thr	Leu	Glu	Ala	Phe	11175	11180	11185

gtc gac agc aca ata	tta gaa tct att gtg	gag cat att gct gtt	119262
Val Asp Ser Thr Ile	Leu Glu Ser Ile Val	Glu His Ile Ala Val	
11190	11195	11200	
cat ttc ccc ggg cgt	gat cgc gaa tat acc	tta aca tca tca aag	119307
His Phe Pro Gly Arg	Asp Arg Glu Tyr Thr	Leu Thr Ser Ser Lys	
11205	11210	11215	
tgt atc gcc atc aaa	agg gac tgg gtg tta	ttt cag ctc ata tgc	119352
Cys Ile Ala Ile Lys	Arg Asp Trp Val Leu	Phe Gln Leu Ile Cys	
11220	11225	11230	
gga aca aaa ggg ttc	act tgt ctt cga tat	ccc cat cgc gga gga	119397
Gly Thr Lys Gly Phe	Thr Cys Leu Arg Tyr	Pro His Arg Gly Gly	
11235	11240	11245	
aga acg gct ccc cg	aca ttt gtg tct ctg	cga gtg gat cat cac	119442
Arg Thr Ala Pro Arg	Thr Phe Val Ser Leu	Arg Val Asp His His	
11250	11255	11260	
aac cgt ttg tgt att	tcg ctt gca caa caa	tgt ttt gct aca aag	119487
Asn Arg Leu Cys Ile	Ser Leu Ala Gln Gln	Cys Phe Ala Thr Lys	
11265	11270	11275	
tgc gat agc aat cgc	atg cat aca atc ttt	act cta gaa gta cct	119532
Cys Asp Ser Asn Arg	Met His Thr Ile Phe	Thr Leu Glu Val Pro	
11280	11285	11290	
aat tat cca aat tta	act tcg agt taa caccaaccgt	gtgatactac	119579
Asn Tyr Pro Asn Leu	Thr Ser Ser		
11295			
atcgcttg aattgccatc ttccacgggt c	atg cag	gct tta gga atc	119628
	Met Gln	Ala Leu Gly Ile	
	11300		
aag aca gaa cat ttt ata	att atg tgt cta ctt	agc gga cat gct	119673
Lys Thr Glu His Phe Ile	Ile Met Cys Leu Leu	Ser Gly His Ala	
11305	11310	11315	
gtt ttt acc cta tgg tat	acc gct cgt gta aag	ttt gaa cat gag	119718
Val Phe Thr Leu Trp Tyr	Thr Ala Arg Val Lys	Phe Glu His Glu	
11320	11325	11330	
tgt gtg tat gca acc acg	gtg att aat ggt gga	ccg gtt gta tgg	119763
Cys Val Tyr Ala Thr Thr	Val Ile Asn Gly Gly	Pro Val Val Trp	
11335	11340	11345	
ggg tct tat aac aac tct	ctt ata tat gta acg	ttt gta aac cac	119808

Gly	Ser	Tyr	Asn	Asn	Ser	Leu	Ile	Tyr	Val	Thr	Phe	Val	Asn	His
11350					11355					11360				
tca	acg	ttt	ttg	gat	ggc	cta	tct	gga	tac	gat	tac	agc	tgc	cgg
Ser	Thr	Phe	Leu	Asp	Gly	Leu	Ser	Gly	Tyr	Asp	Tyr	Ser	Cys	Arg
11365					11370					11375				
gaa	aat	cta	tta	tca	gga	gat	act	atg	gta	aaa	acc	gct	att	tct
Glu	Asn	Leu	Leu	Ser	Gly	Asp	Thr	Met	Val	Lys	Thr	Ala	Ile	Ser
11380					11385					11390				
aca	cct	ttg	cat	gac	aaa	att	cga	att	gtt	ctg	gga	aca	cgt	aat
Thr	Pro	Leu	His	Asp	Lys	Ile	Arg	Ile	Val	Leu	Gly	Thr	Arg	Asn
11395					11400					11405				
tgt	cac	gct	tat	ttt	tgg	tgc	gtg	cag	cta	aaa	atg	att	ttt	ttt
Cys	His	Ala	Tyr	Phe	Trp	Cys	Val	Gln	Leu	Lys	Met	Ile	Phe	Phe
11410					11415					11420				
gca	tgg	ttt	gta	tat	ggt	atg	tat	tta	caa	ttt	cga	cga	ata	cgt
Ala	Trp	Phe	Val	Tyr	Gly	Met	Tyr	Leu	Gln	Phe	Arg	Arg	Ile	Arg
11425					11430					11435				
cgt	atg	ttt	ggg	cca	ttc	cga	tca	tcc	tgt	gag	tta	ata	tcc	ccc
Arg	Met	Phe	Gly	Pro	Phe	Arg	Ser	Ser	Cys	Glu	Leu	Ile	Ser	Pro
11440					11445					11450				
aca	tca	tat	tca	ctg	aat	tac	gta	aca	cgg	gtt	att	tcg	aac	att
Thr	Ser	Tyr	Ser	Leu	Asn	Tyr	Val	Thr	Arg	Val	Ile	Ser	Asn	Ile
11455					11460					11465				
ctt	ctt	ggt	tac	cca	tat	aca	aag	ttg	gca	agg	ttg	tta	tgt	gat
Leu	Leu	Gly	Tyr	Pro	Tyr	Thr	Lys	Leu	Ala	Arg	Leu	Leu	Cys	Asp
11470					11475					11480				
gtt	tcc	atg	cga	cgg	gat	ggt	atg	agt	aaa	gta	ttt	aat	gct	gac
Val	Ser	Met	Arg	Arg	Asp	Gly	Met	Ser	Lys	Val	Phe	Asn	Ala	Asp
11485					11490					11495				
cct	ata	agt	ttt	tta	tat	atg	cat	aaa	ggt	gtt	acg	tta	ttg	atg
Pro	Ile	Ser	Phe	Leu	Tyr	Met	His	Lys	Gly	Val	Thr	Leu	Leu	Met
11500					11505					11510				
ctt	ttg	gag	gtt	atc	gct	cat	ata	tca	tct	gga	tgt	att	gtg	ctt
Leu	Leu	Glu	Val	Ile	Ala	His	Ile	Ser	Ser	Gly	Cys	Ile	Val	Leu
11515					11520					11525				
tta	acg	ctt	ggc	gtt	gca	tat	aca	cca	tgc	gcg	tta	tta	tac	ccc
Leu	Thr	Leu	Gly	Val	Ala	Tyr	Thr	Pro	Cys	Ala	Leu	Leu	Tyr	Pro
11530					11535					11540				

aca tac att cgg att ctg gcc tgg gtt gtt gta tgc acg ctc gct 120393  
 Thr Tyr Ile Arg Ile Leu Ala Trp Val Val Val Cys Thr Leu Ala  
 11545 11550 11555

ata gta gag ctt ata tct tat gtt aga cca aaa cca acc aag gat 120438  
 Ile Val Glu Leu Ile Ser Tyr Val Arg Pro Lys Pro Thr Lys Asp  
 11560 11565 11570

aat cat tta aat cat atc aat acg ggg gga ata cgt ggt ata tgc 120483  
 Asn His Leu Asn His Ile Asn Thr Gly Gly Ile Arg Gly Ile Cys  
 11575 11580 11585

aca aca tgt tgc gct aca gta atg tcc ggc ctt gct ata aaa tgt 120528  
 Thr Thr Cys Cys Ala Thr Val Met Ser Gly Leu Ala Ile Lys Cys  
 11590 11595 11600

ttt tat atc gtc ata ttt gct ata gca gtg gtt att ttt atg cat 120573  
 Phe Tyr Ile Val Ile Phe Ala Ile Ala Val Val Ile Phe Met His  
 11605 11610 11615

tac gaa caa agg gtg cag gta agc ttg ttt ggg gaa agt gaa aac 120618  
 Tyr Glu Gln Arg Val Gln Val Ser Leu Phe Gly Glu Ser Glu Asn  
 11620 11625 11630

tcc cag aag cat taa tcatgtgact aaacacgccc attgcgggt tgggtgagcc 120673  
 Ser Gln Lys His  
 11635

tataaattct acaacattgg cggaagatac aggcaactgc aaacacgcaa ttgtcagata 120733

tttgcagcc atg gcc tct gct tca att cca acc gac cca gac gtg 120779  
 Met Ala Ser Ala Ser Ile Pro Thr Asp Pro Asp Val  
 11640 11645 11650

tct act att tgt gaa gac ttt atg aat ttg cta cca gac gaa cct 120824  
 Ser Thr Ile Cys Glu Asp Phe Met Asn Leu Leu Pro Asp Glu Pro  
 11655 11660 11665

tcg gat gac ttt gca ttg gaa gtc acc gat tgg gca aat gat gaa 120869  
 Ser Asp Asp Phe Ala Leu Glu Val Thr Asp Trp Ala Asn Asp Glu  
 11670 11675 11680

gct att ggc tcc act cca ggc gag gac tcc aca acg tct aga act 120914  
 Ala Ile Gly Ser Thr Pro Gly Glu Asp Ser Thr Thr Ser Arg Thr  
 11685 11690 11695

gtg tat gtg gag cgt act gca gat aca gca tat aat cca cggttat 120959  
 Val Tyr Val Glu Arg Thr Ala Asp Thr Ala Tyr Asn Pro Arg Tyr  
 11700 11705 11710

tcc aaa cga agg cac Ser Lys Arg Arg His 11715	gga agg cgt gaa agc Gly Arg Arg Glu Ser 11720	tac cac cac aat cgc Tyr His His Asn Arg 11725	121004
ccg aaa act ttg gtt Pro Lys Thr Leu Val 11730	gtt gta tta ccc gat Val Val Leu Pro Asp 11735	tca aac cat cat gga Ser Asn His His Gly 11740	121049
gga aga gac gtg gag Gly Arg Asp Val Glu 11745	act gga tat gca cgc Thr Gly Tyr Ala Arg 11750	atc gaa cgg gga cat Ile Glu Arg Gly His 11755	121094
cga cga tca tcc aga Arg Arg Ser Ser Arg 11760	tct tat aac act caa Ser Tyr Asn Thr Gln 11765	agt tca aga aaa cac Ser Ser Arg Lys His 11770	121139
cgt gat cga tcc ctg Arg Asp Arg Ser Leu 11775	tca aat cga aga cgg Ser Asn Arg Arg Arg 11780	cgt cct aca acg cct Arg Pro Thr Thr Pro 11785	121184
cct gca atg acc acg Pro Ala Met Thr Thr 11790	gga gaa aga aat gat Gly Glu Arg Asn Asp 11795	cag aca cat gac gaa Gln Thr His Asp Glu 11800	121229
tcg tac agg ttg cga Ser Tyr Arg Leu Arg 11805	ttt tcc aag aga gac Phe Ser Lys Arg Asp 11810	gcc cgc cga gag cgt Ala Arg Arg Glu Arg 11815	121274
att cga aaa gag tat Ile Arg Lys Glu Tyr 11820	gat atc ccg gtc gat Asp Ile Pro Val Asp 11825	cga att acg ggc cgt Arg Ile Thr Gly Arg 11830	121319
gct att gaa gtc gtc Ala Ile Glu Val Val 11835	tcc acc gcg gga gcc Ser Thr Ala Gly Ala 11840	agc gtg acc att gac Ser Val Thr Ile Asp 11845	121364
tcg gta cgc cat tta Ser Val Arg His Leu 11850	gat gaa aca att gaa Asp Glu Thr Ile Glu 11855	aaa ctg gta gtc cga Lys Leu Val Val Arg 11860	121409
tat gcc aca ata caa Tyr Ala Thr Ile Gln 11865	gag ggt gat tca tgg Glu Gly Asp Ser Trp 11870	gct tcc ggt gga tgt Ala Ser Gly Gly Cys 11875	121454
ttt ccg ggg ata aaa Phe Pro Gly Ile Lys 11880	caa aac aca tct tgg Gln Asn Thr Ser Trp 11885	ccg gag ttg atg ttg Pro Glu Leu Met Leu 11890	121499
tac gga cat gaa ctt tat cgt acc ttt gag 121544	tca tat aaa atg gac 出証特 2005-3035385		

Tyr	Gly	His	Glu	Leu	Tyr	Arg	Thr	Phe	Glu	Ser	Tyr	Lys	Met	Asp	
11895					11900					11905					
tca	cgt	att	gcc	cgc	gcg	ttg	cgt	gag	aga	gtc	ata	cgt	gga	gaa	121589
Ser	Arg	Ile	Ala	Arg	Ala	Leu	Arg	Glu	Arg	Val	Ile	Arg	Gly	Glu	
11910					11915					11920					
tct	ttg	att	gaa	gcg	ttg	gag	tct	gcg	gat	gaa	ctg	tta	acg	tgg	121634
Ser	Leu	Ile	Glu	Ala	Leu	Glu	Ser	Ala	Asp	Glu	Leu	Leu	Thr	Trp	
11925					11930					11935					
att	aaa	atg	tta	gcg	gca	aaa	aac	ttg	ccc	atc	tac	aca	aat	aat	121679
Ile	Lys	Met	Leu	Ala	Ala	Lys	Asn	Leu	Pro	Ile	Tyr	Thr	Asn	Asn	
11940					11945					11950					
ccc	att	gtt	gca	acc	tcg	aag	tca	ctt	ttg	gag	aat	tta	aag	tta	121724
Pro	Ile	Val	Ala	Thr	Ser	Lys	Ser	Leu	Leu	Glu	Asn	Leu	Lys	Leu	
11955					11960					11965					
aag	ctg	ggg	cct	ttt	gta	aga	tgt	ctt	ctt	cta	aac	agg	gac	aac	121769
Lys	Leu	Gly	Pro	Phe	Val	Arg	Cys	Leu	Leu	Leu	Asn	Arg	Asp	Asn	
11970					11975					11980					
gat	ttg	ggg	tct	cgt	act	ctc	ccc	gaa	ctg	ttg	cgc	cag	caa	cgt	121814
Asp	Leu	Gly	Ser	Arg	Thr	Leu	Pro	Glu	Leu	Leu	Arg	Gln	Gln	Arg	
11985					11990					11995					
ttt	agt	gat	atc	acg	tgt	att	act	act	tat	atg	ttt	gtt	atg	att	121859
Phe	Ser	Asp	Ile	Thr	Cys	Ile	Thr	Thr	Tyr	Met	Phe	Val	Met	Ile	
12000					12005					12010					
gcc	cgc	att	gct	aat	ata	gtt	gtc	cgt	ggc	tct	aaa	ttt	gtg	gaa	121904
Ala	Arg	Ile	Ala	Asn	Ile	Val	Val	Arg	Gly	Ser	Lys	Phe	Val	Glu	
12015					12020					12025					
tat	gat	gat	atc	agt	tgt	aac	gtt	caa	gtg	tta	caa	gaa	tat	aca	121949
Tyr	Asp	Asp	Ile	Ser	Cys	Asn	Val	Gln	Val	Leu	Gln	Glu	Tyr	Thr	
12030					12035					12040					
ccc	ggg	tca	tgt	ctg	gcc	ggt	gtt	tta	gag	gcc	cta	atc	acc	cac	121994
Pro	Gly	Ser	Cys	Leu	Ala	Gly	Val	Leu	Glu	Ala	Leu	Ile	Thr	His	
12045					12050					12055					
caa	cgc	gag	tgt	ggt	cgt	gtt	gaa	tgt	acc	ctc	tca	act	tgg	gcc	122039
Gln	Arg	Glu	Cys	Gly	Arg	Val	Glu	Cys	Thr	Leu	Ser	Thr	Trp	Ala	
12060					12065					12070					
ggg	cat	ctt	tct	gac	gcc	cgt	cca	tac	ggt	aaa	tat	ttt	aag	tgt	122084
Gly	His	Leu	Ser	Asp	Ala	Arg	Pro	Tyr	Gly	Lys	Tyr	Phe	Lys	Cys	
12075					12080					12085					

agt acc ttt aac tgc taa aataaaaaat accttttca tgcttgtcaa 122132  
 Ser Thr Phe Asn Cys  
 12090

aacataactaa ttgttatattt taatcattaa gcataattac ctgttagaat agtaaataacc 122192  
 tatttcatgc ttgtaaaaca tatcaattta tatttttaat cattatacac cacccttga 122252  
 ttttatcaat tgtttatgtg attctatatt aataaaagac taataaaaat gtaatattgt 122312  
 gggagtttt aaggcgacgt tgggatata tggcggtat tacattgctt tcaaaccaat 122372  
 atcttgcaa ttccgtctct gattcggta aaacacacac cagacgtgta ccgaacgtt 122432

aatta atg gat aca acg gga gct tcc gaa agc agt caa ccc atc cga 122479  
 Met Asp Thr Thr Gly Ala Ser Glu Ser Ser Gln Pro Ile Arg  
 12095 12100

gtg aat ctt aaa cct gac ccg ttg gcg tcg ttt aca caa gtt ata 122524  
 Val Asn Leu Lys Pro Asp Pro Leu Ala Ser Phe Thr Gln Val Ile  
 12105 12110 12115

ccg cca ctg gcg ttg gaa aca acg tgg aca tgc cct gcc aac tca 122569  
 Pro Pro Leu Ala Leu Glu Thr Thr Trp Thr Cys Pro Ala Asn Ser  
 12120 12125 12130

cat gca ccg acg cca tcc cct ctg tac ggt gtt aag agg tta tgt 122614  
 His Ala Pro Thr Pro Ser Pro Leu Tyr Gly Val Lys Arg Leu Cys  
 12135 12140 12145

gct ctt cga gca aca tgc ggc cgg gct gat gat tta cac gct ttt 122659  
 Ala Leu Arg Ala Thr Cys Gly Arg Ala Asp Asp Leu His Ala Phe  
 12150 12155 12160

ttg att gga ctt gga cgt cga gat aaa cca tct gaa tcc cca atg 122704  
 Leu Ile Gly Leu Gly Arg Arg Asp Lys Pro Ser Glu Ser Pro Met  
 12165 12170 12175

tat gtt gac cta cag ccg ttt tgc agc ctc cta aat tcc caa cga 122749  
 Tyr Val Asp Leu Gln Pro Phe Cys Ser Leu Leu Asn Ser Gln Arg  
 12180 12185 12190

ctg tta ccg gaa atg gct aat tat aac acc cta tgc gat gca ccc 122794  
 Leu Leu Pro Glu Met Ala Asn Tyr Asn Thr Leu Cys Asp Ala Pro  
 12195 12200 12205

ttc agc gcc gca act cag cag atg atg ctg gag tcc gga cag ctg 122839  
 Phe Ser Ala Ala Thr Gln Gln Met Met Leu Glu Ser Gly Gln Leu  
 12210 12215 12220

ggt gta cat ctg gcg gct att ggg tat cac tgt cat tgt aaa tcc 122884  
 Gly Val His Leu Ala Ala Ile Gly Tyr His Cys His Cys Lys Ser  
 12225 12230 12235

ccc ttc tcg gcg gag tgt tgg acc ggt gca tcc gag gca tac gat 122929  
 Pro Phe Ser Ala Glu Cys Trp Thr Gly Ala Ser Glu Ala Tyr Asp  
 12240 12245 12250

cat gtt gta tgt ggg gga aaa gcc cga gcg gct gtc ggc gga cta 122974  
 His Val Val Cys Gly Lys Ala Arg Ala Ala Val Gly Gly Leu  
 12255 12260 12265

tga actacacatt taaataaaaa tacgtacaat cgaaaaagg tgtattttat 123027

ttagtgatta catcaatacg ccctccgtag gttcggcaaa tctaaccgg tgacagacccg 123087

gctgttacg gggggatcct ttcaatattc cacgaatgtt ggaaactgtt ggtcttcctt 123147

gggctgttag ggttgggaga gtgggtcggt ctgacgtggt aagtgcggct tcaccagagt 123207

cttctgtcaa gttcatgtt aacgtcgacg ttatacaagg tgttcagtg gtatttgcg 123267

cgtatattctc ccaaaacata agacgttgca tatgcatatc ataaatatta ccccgccata 123327

aacagagatc tctgttactt aaaccgtgtg tgccggagaaa tgtacccata gatggagcca 123387

gtaaatgcaa gcccgatcca cattcatacc caagcggtt ggatcgctt tccttcatcg 123447

ccaaaataat aaatgtcctt gcaccccttgc ggttcattgc acgccctatt agacggcaa 123507

ggctaagacg ttccgggtt ttgctatatt tgccaataat tacataggtt ttggtagagg 123567

taatgtgtaa cgttccctcg cctggcaggt ctacagttct ccccgcaagc actcgtaata 123627

aacatcgctt ttctgacgctt ggatttcctt cggcggtggc gttttaactg ggacgcacca 123687

gagtggagcc cataataat gcgggaacat gccccatatgc aagtgtctca gaaattacat 123747

gcattttatg atttacggg ggtgggttac gataatagct attaaacaaa caccaataa 123807

agcattttt gtagaacctt tattggtaa cacagtctt tcacgtgaca ggcaatgtat 123867

aaataacgta cggatgcact taagatgtat cgcacataaa tttatataag ctgttagcaaa 123927

gtataagcaa atcctgttaa tattatattt ttggatccg ca atg tcc agg gta 123981  
 Met Ser Arg Val  
 12270

tcg gag tat ggg gta ccg gaa ggt gtt cgg gaa tct gat agc gat 124026

Ser Glu Tyr Gly Val Pro Glu Gly Val Arg Glu Ser Asp Ser Asp  
 12275 12280 12285  
  
 aca gac tct gtg ttt atg tat cag cat aca gag ctt atg cag aac 124071  
 Thr Asp Ser Val Phe Met Tyr Gln His Thr Glu Leu Met Gln Asn  
 12290 12295 12300  
  
 aac gcg tcg cca ctc gtc gtt caa aca aga cca ccg gcg gtt ctt 124116  
 Asn Ala Ser Pro Leu Val Val Gln Thr Arg Pro Pro Ala Val Leu  
 12305 12310 12315  
  
 att cca ctg gtt gat gtc cca agg cca cga tcc ccg aga aag gcg 124161  
 Ile Pro Leu Val Asp Val Pro Arg Pro Arg Ser Arg Arg Lys Ala  
 12320 12325 12330  
  
 tcc gcg caa ctg aaa atg caa atg gac agg tta tgc aac gta ctg 124206  
 Ser Ala Gln Leu Lys Met Gln Met Asp Arg Leu Cys Asn Val Leu  
 12335 12340 12345  
  
 ggt gta gta ctc cag atg gcg acg ttg gct ttg gtg aca tat ata 124251  
 Gly Val Val Leu Gln Met Ala Thr Leu Ala Leu Val Thr Tyr Ile  
 12350 12355 12360  
  
 gct ttt gtt gtg cat aca cgc gcg aca agc tgc aag cga gaa taa 124296  
 Ala Phe Val Val His Thr Arg Ala Thr Ser Cys Lys Arg Glu  
 12365 12370 12375  
  
 ataccttccc cttccggaca gtagttcat gtagttgagt tgggaggttc ctcggaaaa 124356  
  
 acggcaacaa tggcgaccac gacagcagta agggtgagaa tacaaaaaag aattaaaaaa 124416  
  
 gccggcac acgatttgcg aattcttaga aaagccagct gaagtctgtg gattccatca 124476  
  
 taagcgcagt ctaggcaatc gtaagactgt tgggtggtgc cattctccac gtgaggaaaa 124536  
  
 agaggcgggg agaacaccag actctcgccg cttctgttaag gggggggcgc gtctgccacg 124596  
  
 gcctcggcgt atgtggtag gtagggatg ggggtcgcaa cgtcatccat gctggggac 124656  
  
 gacgtgaggg tgaccggcgg ggtcccaggt cggcgggaggt agtgcacggt cgccatccga 124716  
  
 gcagtaaacg aggggtggac gcaaaaggcg cgggttttgt taaaggctgg cggggggggg 124776  
  
 tttccggca aaaaatccca tccccccga tggtcgcccc gcaaacgcgc ggggaggtgg 124836  
  
 ggtcgcttt tttttctct ctcgaggggg ccgcgagagg gctggcct 124884

<210> 52  
 <211> 278

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 52

Met	Phe	Cys	Thr	Ser	Pro	Ala	Thr	Arg	Gly	Asp	Ser	Ser	Glu	Ser	Lys
1							5				10			15	

Pro	Gly	Ala	Ser	Val	Asp	Val	Asn	Gly	Lys	Met	Glu	Tyr	Gly	Ser	Ala
										20			25		30

Pro	Gly	Pro	Leu	Asn	Gly	Arg	Asp	Thr	Ser	Arg	Gly	Pro	Gly	Ala	Phe
										35			40		45

Cys	Thr	Pro	Gly	Trp	Glu	Ile	His	Pro	Ala	Arg	Leu	Val	Glu	Asp	Ile
										50			55		60

Asn	Arg	Val	Phe	Leu	Cys	Ile	Ala	Gln	Ser	Ser	Gly	Arg	Val	Thr	Arg
										65			70		80

Asp	Ser	Arg	Arg	Leu	Arg	Arg	Ile	Cys	Leu	Asp	Phe	Tyr	Leu	Met	Gly
										85			90		95

Arg	Thr	Arg	Gln	Arg	Pro	Thr	Leu	Ala	Cys	Trp	Glu	Glu	Leu	Leu	Gln
										100			105		110

Leu	Gln	Pro	Thr	Gln	Thr	Gln	Cys	Leu	Arg	Ala	Thr	Leu	Met	Glu	Val
										115			120		125

Ser	His	Arg	Pro	Pro	Arg	Gly	Glu	Asp	Gly	Phe	Ile	Glu	Ala	Pro	Asn
										130			135		140

Val	Pro	Leu	His	Arg	Ser	Ala	Leu	Glu	Cys	Asp	Val	Ser	Asp	Asp	Gly
										145			150		160

Gly	Glu	Asp	Asp	Ser	Asp	Asp	Asp	Gly	Ser	Thr	Pro	Ser	Asp	Val	Ile
										165			170		175

Glu	Phe	Arg	Asp	Ser	Asp	Ala	Glu	Ser	Ser	Asp	Gly	Glu	Asp	Phe	Ile
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

180

185

190

Val Glu Glu Glu Ser Glu Glu Ser Thr Asp Ser Cys Glu Pro Asp Gly  
 195 200 205

Val Pro Gly Asp Cys Tyr Arg Asp Gly Asp Gly Cys Asn Thr Pro Ser  
 210 215 220

Pro Lys Arg Pro Gln Arg Ala Ile Glu Arg Tyr Ala Gly Ala Glu Thr  
 225 230 235 240

Ala Glu Tyr Thr Ala Ala Lys Ala Leu Thr Ala Leu Gly Glu Gly Gly  
 245 250 255

Val Asp Trp Lys Arg Arg His Glu Ala Pro Arg Arg His Asp Ile  
 260 265 270

Pro Pro Pro His Gly Val  
 275

&lt;210&gt; 53

&lt;211&gt; 180

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 53

Met Asn Leu Cys Gly Ser Arg Gly Glu His Pro Gly Gly Glu Tyr Ala  
 1 5 10 15

Gly Leu Tyr Cys Thr Arg His Asp Thr Pro Ala His Gln Ala Leu Met  
 20 25 30

Asn Asp Ala Glu Arg Tyr Phe Ala Ala Ala Leu Cys Ala Ile Ser Thr  
 35 40 45

Glu Ala Tyr Glu Ala Phe Ile His Ser Pro Ser Glu Arg Pro Cys Ala  
 50 55 60

Ser Leu Trp Gly Arg Ala Lys Asp Ala Phe Gly Arg Met Cys Gly Glu  
 65                    70                    75                    80

Leu Ala Ala Asp Arg Gln Arg Pro Pro Ser Val Pro Pro Ile Arg Arg  
 85                    90                    95

Ala Val Leu Ser Leu Leu Arg Glu Gln Cys Met Pro Asp Pro Gln Ser  
 100                  105                  110

His Leu Glu Leu Ser Glu Arg Leu Ile Leu Met Ala Tyr Trp Cys Cys  
 115                  120                  125

Leu Gly His Ala Gly Leu Pro Thr Ile Gly Leu Ser Pro Asp Asn Lys  
 130                  135                  140

Cys Ile Arg Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Pro Gly Gly Ile Cys His Arg  
 145                  150                  155                  160

Leu Phe Asp Ala Tyr Leu Gly Cys Gly Ser Leu Gly Val Pro Arg Thr  
 165                  170                  175

Tyr Glu Arg Ser  
 180

<210> 54  
 <211> 102  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster  
 <400> 54

Met Ala Gly Gln Asn Thr Met Glu Gly Glu Ala Val Ala Leu Leu Met  
 1                    5                    10                    15

Glu Ala Val Val Thr Pro Arg Ala Gln Pro Asn Asn Thr Thr Ile Thr  
 20                  25                  30

Ala Ile Gln Pro Ser Arg Ser Ala Glu Lys Cys Tyr Tyr Ser Asp Ser  
 35                  40                  45

Glu Asn Glu Thr Ala Asp Glu Phe Leu Arg Arg Ile Gly Lys Tyr Gln  
 50 55 60

His Lys Ile Tyr His Arg Lys Lys Phe Cys Tyr Ile Thr Leu Ile Ile  
 65 70 75 80

Val Phe Val Phe Ala Met Thr Gly Ala Ala Phe Ala Leu Gly Tyr Ile  
 85 90 95

Thr Ser Gln Phe Val Gly  
 100

<210> 55  
 <211> 1310  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 55

Met Asp Thr Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser  
 1 5 10 15

Pro Asp Thr Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala  
 20 25 30

Ala Glu His Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu  
 35 40 45

Leu Phe Gly Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val  
 50 55 60

Ser Ile Pro Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr Glu Asp  
 65 70 75 80

Val Gly Glu Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu Asp Gly Gln  
 85 90 95

Asp Leu Met Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu Val Phe His Thr  
 100 105 110

Arg Phe Ser Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr Gly Ala Asp Arg Ser  
115 120 125

Leu Glu Thr Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro  
130 135 140

Pro Met Asn Asp Gly Glu Thr Gly Arg Gly Thr Thr Pro Pro Phe Pro  
145 150 155 160

Gln Ala Phe Ser Pro Val Ser Pro Ala Ser Pro Val Gly Asp Ala Ala  
165 170 175

Gly Asn Asp Gln Arg Glu Asp Gln Arg Ser Ile Pro Arg Gln Thr Thr  
180 185 190

Arg Gly Asn Ser Pro Gly Leu Pro Ser Val Val His Arg Asp Arg Gln  
195 200 205

Thr Gln Ser Ile Ser Gly Lys Lys Pro Gly Asp Glu Gln Ala Gly His  
210 215 220

Ala His Ala Ser Gly Asp Gly Val Val Leu Gln Lys Thr Gln Arg Pro  
225 230 235 240

Ala Gln Gly Lys Ser Pro Lys Lys Thr Leu Lys Val Lys Val Pro  
245 250 255

Leu Pro Ala Arg Lys Pro Gly Gly Pro Val Pro Gly Pro Val Glu Gln  
260 265 270

Leu Tyr His Val Leu Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Gly Ala Lys Ala  
275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Thr Asp Asp Thr Arg Pro Arg Lys His Asp Ala  
290 295 300

Arg Gly Ile Thr Pro Arg Val Pro Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Pro  
 305                           310                           315                           320

Arg Ala Phe Leu Ala Leu Pro Gly Arg Ser His Ala Pro Asp Pro Ile  
 325                           330                           335

Glu Asp Asp Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser Arg Glu Phe Val  
 340                           345                           350

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
 355                           360                           365

Asp Asp Glu Pro Arg Arg Val Ser Val Gly Ser Glu Thr Thr Gly Ser  
 370                           375                           380

Arg Ser Gly Arg Glu His Ala Pro Ser Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser  
 385                           390                           395                           400

Asp Ser Asn Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr  
 405                           410                           415

Arg Ser Ile Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu  
 420                           425                           430

Ala Gly Glu Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg  
 435                           440                           445

Ser Arg Thr Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro  
 450                           455                           460

Asp Gly Ser Pro Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val  
 465                           470                           475                           480

Arg Phe Gly Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp Glu  
 485                           490                           495

Ala Val Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu Pro Val  
 500                           505                           510

Pro Leu Tyr Val Pro Glu Leu Gly Asp Pro Ala Arg Gln Tyr Arg Ala  
515 520 525

Leu Ile Asn Leu Ile Tyr Cys Pro Asp Arg Asp Pro Ile Ala Trp Leu  
530 535 540

Gln Asn Pro Lys Leu Thr Gly Val Asn Ser Ala Leu Asn Gln Phe Tyr  
545 550 555 560

Gln Lys Leu Leu Pro Pro Gly Arg Ala Gly Thr Ala Val Thr Gly Ser  
565 570 575

Val Ala Ser Pro Val Pro His Val Gly Glu Ala Met Ala Thr Gly Glu  
580 585 590

Ala Leu Trp Ala Leu Pro His Ala Ala Ala Val Ala Met Ser Arg  
595 600 605

Arg Tyr Asp Arg Ala Gln Lys His Phe Ile Leu Gln Ser Leu Arg Arg  
610 615 620

Ala Phe Ala Ser Met Ala Tyr Pro Glu Ala Thr Gly Ser Ser Pro Ala  
625 630 635 640

Ala Arg Ile Ser Arg Gly His Pro Ser Pro Thr Thr Pro Ala Thr Gln  
645 650 655

Ala Pro Asp Pro Gln Pro Ser Ala Ala Ala Arg Ser Leu Ser Val Cys  
660 665 670

Pro Pro Asp Asp Arg Leu Arg Thr Pro Arg Lys Arg Lys Ser Gln Pro  
675 680 685

Val Glu Ser Arg Ser Leu Leu Asp Lys Ile Arg Glu Thr Pro Val Ala  
690 695 700

Asp Ala Arg Val Ala Asp Asp His Val Val Ser Lys Ala Lys Arg Arg  
705 710 715 720

Val Ser Glu Pro Val Thr Ile Thr Ser Gly Pro Val Val Asp Pro Pro  
725 730 735

Ala Val Ile Thr Met Pro Leu Asp Gly Pro Ala Pro Asn Gly Gly Phe  
740 745 750

Arg Arg Ile Pro Arg Gly Ala Leu His Thr Pro Val Pro Ser Asp Gln  
755 760 765

Ala Arg Lys Ala Tyr Cys Thr Pro Glu Thr Ile Ala Arg Leu Val Asp  
770 775 780

Asp Pro Leu Phe Pro Thr Ala Trp Arg Pro Ala Leu Ser Phe Asp Pro  
785 790 795 800

Gly Ala Leu Ala Glu Ile Ala Ala Arg Arg Pro Gly Gly Gly Asp Arg  
805 810 815

Arg Phe Gly Pro Pro Ser Gly Val Glu Ala Leu Arg Arg Arg Cys Ala  
820 825 830

Trp Met Arg Gln Ile Pro Asp Pro Glu Asp Val Arg Leu Leu Ile Ile  
835 840 845

Tyr Asp Pro Leu Pro Gly Glu Asp Ile Asn Gly Pro Leu Glu Ser Thr  
850 855 860

Leu Ala Thr Asp Pro Gly Pro Ser Trp Ser Pro Ser Arg Gly Gly Leu  
865 870 875 880

Ser Val Val Leu Ala Ala Leu Ser Asn Arg Leu Cys Leu Pro Ser Thr  
885 890 895

His Ala Trp Ala Gly Asn Trp Thr Gly Pro Pro Asp Val Ser Ala Leu  
900 905 910

Asn Ala Arg Gly Val Leu Leu Leu Ser Thr Arg Asp Leu Ala Phe Ala  
 915 920 925

Gly Ala Val Glu Tyr Leu Gly Ser Arg Leu Ala Ser Ala Arg Arg Arg  
 930 935 940

Leu Leu Val Leu Asp Ala Val Ala Leu Glu Arg Trp Pro Arg Asp Gly  
 945 950 955 960

Pro Ala Leu Ser Gln Tyr His Val Tyr Val Arg Ala Pro Ala Arg Pro  
 965 970 975

Asp Ala Gln Ala Val Val Arg Trp Pro Asp Ser Ala Val Thr Glu Gly  
 980 985 990

Leu Ala Arg Ala Val Phe Ala Ser Ser Arg Thr Phe Gly Pro Ala Ser  
 995 1000 1005

Phe Ala Arg Ile Glu Thr Ala Phe Ala Asn Leu Tyr Pro Gly Glu  
 1010 1015 1020

Gln Pro Leu Cys Leu Cys Arg Gly Gly Asn Val Ala Tyr Thr Val  
 1025 1030 1035

Cys Thr Arg Ala Gly Pro Lys Thr Arg Val Pro Leu Ser Pro Arg  
 1040 1045 1050

Glu Tyr Arg Gln Tyr Val Leu Pro Gly Phe Asp Gly Cys Lys Asp  
 1055 1060 1065

Leu Ala Arg Gln Ser Arg Gly Leu Gly Leu Gly Ala Ala Asp Phe  
 1070 1075 1080

Val Asp Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn Arg Trp Gly  
 1085 1090 1095

Leu Gly Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu Gly Arg Arg  
1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro Thr Trp Ala  
1115 1120 1125

Arg Val Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp Pro Ala Ala  
1130 1135 1140

Glu Pro Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser Val Ala Leu  
1145 1150 1155

Tyr Ala Ser Ala Asp Glu Ala Arg Asn Ala Leu Pro Pro Ile Pro  
1160 1165 1170

Arg Val Met Trp Pro Pro Gly Phe Gly Ala Ala Glu Thr Val Leu  
1175 1180 1185

Glu Gly Ser Asp Gly Thr Arg Phe Val Phe Gly His His Gly Gly  
1190 1195 1200

Ser Glu Arg Pro Ser Glu Thr Gln Ala Gly Arg Gln Arg Arg Thr  
1205 1210 1215

Ala Asp Asp Arg Glu His Ala Leu Glu Leu Asp Asp Trp Glu Val  
1220 1225 1230

Gly Cys Glu Asp Ala Trp Asp Ser Glu Glu Gly Gly Asp Asp  
1235 1240 1245

Gly Asp Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Ile Val Ser Val  
1250 1255 1260

Ala Pro Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Leu Arg Pro Ala  
1265 1270 1275

Val Lys Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
1280 1285 1290

Asp Asp Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser  
 1295 1300 1305

Arg Gly  
 1310

<210> 56  
 <211> 467  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster  
 <400> 56

Met Asp Thr Ile Leu Ala Gly Gly Ser Gly Thr Ser Asp Ala Ser Asp  
 1 5 10 15

Asn Thr Cys Thr Ile Cys Met Ser Thr Val Ser Asp Leu Gly Lys Thr  
 20 25 30

Met Pro Cys Leu His Asp Phe Cys Phe Val Cys Ile Arg Ala Trp Thr  
 35 40 45

Ser Thr Ser Val Gln Cys Pro Leu Cys Arg Cys Pro Val Gln Ser Ile  
 50 55 60

Leu His Lys Ile Val Ser Asp Thr Ser Tyr Lys Glu Tyr Glu Val His  
 65 70 75 80

Pro Ser Asp Asp Asp Gly Phe Ser Glu Pro Ser Phe Glu Asp Ser Ile  
 85 90 95

Asp Ile Leu Pro Gly Asp Val Ile Asp Leu Leu Pro Pro Ser Pro Gly  
 100 105 110

Pro Ser Arg Glu Ser Ile Gln Gln Pro Thr Ser Arg Ser Ser Arg Glu  
 115 120 125

Pro Ile Gln Ser Pro Asn Pro Gly Pro Leu Gln Ser Ser Ala Arg Glu

130

135

140

Pro Thr Ala Glu Ser Pro Ser Asp Ser Gln Gln Asp Ser Ile Gln Pro  
 145 150 155 160

Pro Thr Arg Asp Ser Ser Pro Gly Val Thr Lys Thr Cys Ser Thr Ala  
 165 170 175

Ser Phe Leu Arg Lys Val Phe Phe Lys Asp Gln Pro Ala Val Arg Ser  
 180 185 190

Ala Thr Pro Val Val Tyr Gly Ser Ile Glu Ser Ala Gln Gln Pro Arg  
 195 200 205

Thr Gly Gly Gln Asp Tyr Arg Asp Arg Pro Val Ser Val Gly Ile Asn  
 210 215 220

Gln Asp Pro Arg Thr Met Asp Arg Leu Pro Phe Arg Ala Thr Asp Arg  
 225 230 235 240

Gly Thr Glu Gly Asn Ala Arg Phe Pro Cys Tyr Met Gln Pro Leu Leu  
 245 250 255

Gly Trp Leu Asp Asp Gln Leu Ala Glu Leu Tyr Gln Pro Glu Ile Val  
 260 265 270

Glu Pro Thr Lys Met Leu Ile Leu Asn Tyr Ile Gly Ile Tyr Gly Arg  
 275 280 285

Asp Glu Ala Gly Leu Lys Thr Ser Leu Arg Cys Leu Leu His Asp Ser  
 290 295 300

Thr Gly Pro Phe Val Thr Asn Met Leu Phe Leu Leu Asp Arg Cys Thr  
 305 310 315 320

Asp Pro Thr Arg Leu Thr Met Gln Thr Trp Thr Trp Lys Asp Thr Ala  
 325 330 335

Ile Gln Leu Ile Thr Gly Pro Ile Val Arg Pro Glu Thr Thr Ser Thr  
 340 345 350

Gly Glu Thr Ser Arg Gly Asp Glu Arg Asp Thr Arg Leu Val Asn Thr  
 355 360 365

Pro Gln Lys Val Arg Leu Phe Ser Val Leu Pro Gly Ile Lys Pro Gly  
 370 375 380

Ser Ala Arg Gly Ala Lys Arg Arg Leu Phe His Thr Gly Arg Asp Val  
 385 390 395 400

Lys Arg Cys Leu Thr Ile Asp Leu Thr Ser Glu Ser Asp Ser Ala Cys  
 405 410 415

Lys Gly Ser Lys Thr Arg Lys Val Ala Ser Pro Gln Gly Glu Ser Asn  
 420 425 430

Thr Pro Ser Thr Ser Gly Ser Thr Ser Gly Ser Leu Lys His Leu Thr  
 435 440 445

Lys Lys Ser Ser Ala Gly Lys Ala Gly Lys Gly Ile Pro Asn Lys Met  
 450 455 460

Lys Lys Ser  
 465

<210> 57  
 <211> 305  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 57

Met Asp Val Ser Gly Glu Pro Thr Val Cys Ser Asn Ala Tyr Ala Asn  
 1 5 10 15

Glu Met Lys Leu Ser Asp Ser Lys Asp Ile Tyr Val Leu Ala His Pro  
 20 25 30

Val Thr Lys Lys Thr Arg Lys Arg Pro Arg Gly Leu Pro Leu Gly Val  
 35                    40                    45

Lys Leu Asp Pro Pro Thr Phe Lys Leu Asn Asn Met Ser His His Tyr  
 50                    55                    60

Asp Thr Glu Thr Phe Thr Pro Val Ser Ser Gln Leu Asp Ser Val Glu  
 65                    70                    75                    80

Val Phe Ser Lys Phe Asn Ile Ser Pro Glu Trp Tyr Asp Leu Leu Ser  
 85                    90                    95

Asp Glu Leu Lys Glu Pro Tyr Ala Lys Gly Ile Phe Leu Glu Tyr Asn  
 100                  105                  110

Arg Leu Leu Asn Ser Gly Glu Glu Ile Leu Pro Ser Thr Gly Asp Ile  
 115                  120                  125

Phe Ala Trp Thr Arg Phe Cys Gly Pro Gln Ser Ile Arg Val Val Ile  
 130                  135                  140

Ile Gly Gln Asp Pro Tyr Pro Thr Ala Gly His Ala His Gly Leu Ala  
 145                  150                  155                  160

Phe Ser Val Lys Arg Gly Ile Thr Pro Pro Ser Ser Leu Lys Asn Ile  
 165                  170                  175

Phe Ala Ala Leu Met Glu Ser Tyr Pro Asn Met Thr Pro Pro Thr His  
 180                  185                  190

Gly Cys Leu Glu Ser Trp Ala Arg Gln Gly Val Leu Leu Leu Asn Thr  
 195                  200                  205

Thr Leu Thr Val Arg Arg Gly Thr Pro Gly Ser His Val Tyr Leu Gly  
 210                  215                  220

Trp Gly Arg Leu Val Gln Arg Val Leu Gln Arg Leu Cys Glu Asn Arg  
 225 230 235 240

Thr Gly Leu Val Phe Met Leu Trp Gly Ala His Ala Gln Lys Thr Thr  
 245 250 255

Gln Pro Asn Ser Arg Cys His Leu Val Leu Thr His Ala His Pro Ser  
 260 265 270

Pro Leu Ser Arg Val Pro Phe Arg Asn Cys Arg His Phe Val Gln Ala  
 275 280 285

Asn Glu Tyr Phe Thr Arg Lys Gly Glu Pro Glu Ile Asp Trp Ser Val  
 290 295 300

Ile  
 305

<210> 58  
 <211> 71  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 58

Met Asp Val Arg Glu Arg Asn Val Phe Gly Asn Ala Ser Val Ala Thr  
 1 5 10 15

Pro Gly Glu His Gln Lys Phe Val Arg Glu Leu Ile Leu Ser Gly His  
 20 25 30

Asn Asn Val Val Leu Gln Thr Tyr Thr Gly Lys Trp Ser Asp Cys Arg  
 35 40 45

Lys His Gly Lys Ser Val Met Tyr Asn Thr Gly Glu Ala Arg His Pro  
 50 55 60

Thr Cys Lys Ala His Gln Arg  
 65 70

<210> 59  
<211> 331  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 59

Met Gln Arg Ile Arg Pro Tyr Trp Ile Lys Phe Glu Gln Thr Gly Gly  
1 5 10 15

Ala Gly Met Ala Asp Gly Met Ser Gly Ile Asn Ile Pro Ser Ile Leu  
20 25 30

Gly Cys Ser Val Thr Ile Asp Asn Leu Leu Thr Arg Ala Glu Glu Gly  
35 40 45

Leu Asp Val Ser Asp Val Ile Glu Asp Leu Arg Ile Gln Ala Ile Pro  
50 55 60

Arg Phe Val Cys Glu Ala Arg Glu Val Thr Gly Leu Lys Pro Arg Phe  
65 70 75 80

Leu Ala Asn Ser Val Val Ser Leu Arg Val Lys Pro Glu His Gln Glu  
85 90 95

Thr Val Leu Val Val Leu Asn Gly Asp Ser Ser Glu Val Ser Cys Asp  
100 105 110

Arg Tyr Tyr Met Glu Cys Val Thr Gln Pro Ala Phe Arg Gly Phe Ile  
115 120 125

Phe Ser Val Leu Thr Ala Val Glu Asp Arg Val Tyr Thr Val Gly Val  
130 135 140

Pro Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Arg Met Thr Leu Phe Arg Pro Asp Asn  
145 150 155 160

Val Leu Asp Phe Thr Leu Cys Val Ile Leu Met Tyr Leu Glu Gly Ile  
165 170 175

Gly Pro Ser Gly Ala Ser Pro Ser Leu Phe Val Gln Leu Ser Val Tyr  
 180 185 190

Leu Arg Arg Val Glu Cys Gln Ile Gly Pro Leu Glu Lys Met Arg Arg  
 195 200 205

Phe Leu Tyr Glu Gly Val Leu Trp Leu Leu Asn Thr Leu Met Tyr Val  
 210 215 220

Val Asp Asn Asn Pro Phe Thr Lys Thr Arg Val Leu Pro His Tyr Met  
 225 230 235 240

Phe Val Lys Leu Leu Asn Pro Gln Pro Gly Thr Ala Pro Asn Ile Ile  
 245 250 255

Lys Ala Ile Tyr Ser Cys Gly Val Gly Gln Arg Phe Asp Leu Pro His  
 260 265 270

Gly Thr Pro Pro Cys Pro Asp Gly Val Val Gln Val Pro Pro Gly Leu  
 275 280 285

Leu Asn Gly Pro Leu Arg Asp Ser Glu Tyr Gln Lys Ser Val Tyr Phe  
 290 295 300

Trp Trp Leu Asn Arg Thr Met Val Thr Pro Lys Asn Val Gln Leu Phe  
 305 310 315 320

Glu Thr Tyr Lys Asn Ser Pro Arg Val Val Lys  
 325 330

<210> 60

<211> 541

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 60

Met Glu Phe Pro Tyr His Ser Thr Val Ser Tyr Asn Gly Val Thr Phe

出証特2005-3035385

1	5	10	15
Tyr Phe Asn Glu Arg Ala Thr Arg Ala Tyr Phe Ile Cys Gly Gly Cys			
	20	25	30
Leu Ile Ser Ile Pro Arg Lys His Gly Gly Glu Ile Ala Lys Phe Gly			
	35	40	45
His Val Val Arg Gly Val Gly Pro Gly Asp Arg Ser Val Ala Ser Tyr			
	50	55	60
Val Arg Ser Glu Leu Asn Arg Thr Gly Lys Thr Trp Ala Val Ser Ser			
	65	70	75
Asn Asn Asn Cys Val Phe Leu Asp Arg Val Ala Leu Leu Ala Ala Gly			
	85	90	95
Ser Gly Ala Val Asp Arg Asp Leu Cys Gly Thr Phe Asp Val Glu Val			
	100	105	110
Glu Asp Pro Thr Leu Ala Asp Tyr Leu Val Ser Leu Pro Val Thr His			
	115	120	125
Leu Thr Leu Val Ala Gly Val Asp Val Thr Arg Glu Asn Lys Leu Lys			
	130	135	140
Leu Phe Pro Thr Pro Thr Ala Ile Asn Thr Thr Asn Gly Phe Met Tyr			
	145	150	155
Val Pro Asn Glu Ala Ser Phe Ser Leu Val Tyr Met Arg Met Leu Glu			
	165	170	175
Leu Pro Glu Ser Leu Gln Glu Leu Val Ser Gly Leu Phe Asp Gly Thr			
	180	185	190
Pro Glu Ile Arg Asp Ala Leu Asn Gly Ser Asn Asp Asp Glu Lys Thr			
	195	200	205

Ser Ile Ile Val Ser Arg Arg Ala Ala Asp Val Val Thr Glu Asp Val  
 210 215 220

Lys Ala Asp Asp Val Pro Ile Ser Gly Glu Pro Tyr Ser Glu Lys Gln  
 225 230 235 240

Pro Arg Arg Arg Lys Lys Ser Asp His Ile Thr Leu Ser Asn Phe Val  
 245 250 255

Gln Ile Arg Thr Ile Pro Arg Val Met Asp Ile Trp Asp Pro Arg His  
 260 265 270

Lys Ala Thr Thr His Cys Ile Arg Ala Leu Ser Cys Ala Val Phe Phe  
 275 280 285

Ala Asp Glu Val Ile Phe Lys Ala Arg Lys Trp Pro Gly Leu Glu Asp  
 290 295 300

Glu Leu Asn Glu Ala Arg Glu Thr Ile Tyr Thr Ala Val Val Ala Val  
 305 310 315 320

Tyr Gly Glu Arg Gly Glu Leu Pro Phe Phe Gly His Ala Tyr Gly Arg  
 325 330 335

Asp Leu Thr Ser Cys Gln Arg Phe Val Ile Val Gln Tyr Ile Leu Ser  
 340 345 350

Arg Trp Glu Ala Phe Asn Cys Tyr Ala Val Ile Glu Asp Leu Thr Arg  
 355 360 365

Ser Tyr Val Asn Ala Leu Pro Ser Asp Asp Asp Thr Asp Gln Val Ala  
 370 375 380

Gln Asp Leu Ile Arg Thr Ile Val Asp Thr Ala Asn Ser Leu Leu Arg  
 385 390 395 400

Glu Val Gly Phe Ile Gly Thr Leu Ala Glu Thr Leu Leu Phe Leu Pro

405

410

415

Leu Pro Gln Leu Pro Cys Tyr Lys Glu Thr Ser His Leu Ala Lys Lys  
 420 425 430

Glu Gly Val Arg Ile Leu Arg Leu Ala Lys Thr Gly Val Gly Leu Ser  
 435 440 445

Asp Thr Val Pro Val Asp Val Ser Val Thr Glu Arg His Glu Tyr Glu  
 450 455 460

Ile Ser Arg Tyr Leu Asp Thr Leu Tyr Ser Gly Asp Pro Cys Tyr Asn  
 465 470 475 480

Gly Ala Val Arg Leu Cys Arg Leu Leu Gly Ser Ser Ile Pro Ile Ala  
 485 490 495

Leu Tyr Tyr Asn Thr Ile Ser Gly Asn Ala Phe Glu Pro Tyr Phe Ala  
 500 505 510

Gly Arg Arg Tyr Ile Ala Tyr Leu Gly Ala Leu Phe Phe Gly Arg Val  
 515 520 525

His Gln Thr Pro Phe Gly Asp Gly Lys Lys Thr Gln Arg  
 530 535 540

&lt;210&gt; 61

&lt;211&gt; 258

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 61

Met Ser Ala Ser Arg Ile Arg Ala Lys Cys Phe Arg Leu Gly Gln Arg  
 1 5 10 15

Cys His Thr Arg Phe Tyr Asp Val Leu Lys Lys Asp Ile Asp Asn Val  
 20 25 30

Arg Arg Gly Phe Ala Asp Ala Phe Asn Pro Arg Leu Ala Lys Leu Leu  
 35 40 45

Ser Pro Leu Ser His Val Asp Val Gln Arg Ala Val Arg Ile Ser Met  
 50 55 60

Ser Phe Glu Val Asn Leu Gly Arg Arg Pro Asp Cys Val Cys Ile  
 65 70 75 80

Ile Gln Thr Glu Ser Ser Gly Ala Gly Lys Thr Val Cys Phe Ile Val  
 85 90 95

Glu Leu Lys Ser Cys Arg Phe Ser Ala Asn Ile His Thr Pro Thr Lys  
 100 105 110

Tyr His Gln Phe Cys Glu Gly Met Arg Gln Leu Arg Asp Thr Met Ala  
 115 120 125

Leu Ile Lys Glu Thr Thr Pro Thr Gly Ser Asp Glu Ile Met Val Thr  
 130 135 140

Pro Leu Leu Val Phe Val Ser Gln Arg Gly Leu Asn Leu Leu Gln Val  
 145 150 155 160

Thr Arg Leu Pro Pro Lys Val Ile His Gly Asn Leu Val Met Leu Ala  
 165 170 175

Ser His Leu Glu Asn Val Ala Glu Tyr Thr Pro Pro Ile Arg Ser Val  
 180 185 190

Arg Glu Arg Arg Arg Leu Cys Lys Lys Lys Ile His Val Cys Ser Leu  
 195 200 205

Ala Lys Lys Arg Ala Lys Ser Cys His Arg Ser Ala Leu Thr Lys Phe  
 210 215 220

Glu Glu Asn Ala Ala Cys Gly Val Asp Leu Pro Leu Arg Arg Pro Ser  
 225 230 235 240

Leu Gly Ala Cys Gly Gly Ile Leu Gln Ser Ile Thr Gly Met Phe Ser  
 245                            250                            255

His Gly

<210> 62  
 <211> 579  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster  
 <400> 62

Met Thr Ala Arg Tyr Gly Phe Gly Ser Ile Ser Phe Pro Asn Lys Cys  
 1                            5                                10                            15

Gly Ile Phe Leu Ser Thr Thr Lys Asn Phe Ile Ala Pro Asn Phe Pro  
 20                            25                                30

Ile His Tyr Trp Thr Ala Pro Ala Phe Glu Leu Arg Gly Arg Met Asn  
 35                            40                                45

Pro Asp Leu Glu Lys Asn Thr Leu Thr Leu Lys Asn Ala Ala Ala Val  
 50                            55                                60

Ala Ala Leu Asp Asn Leu Arg Gly Glu Thr Ile Thr Leu Pro Thr Glu  
 65                            70                                75                            80

Ile Asp Arg Arg Leu Lys Pro Leu Glu Glu Gln Leu Thr Arg Met Ala  
 85                            90                                95

Lys Val Leu Asp Ser Leu Glu Thr Ala Ala Ala Glu Ala Glu Ala  
 100                            105                            110

Asp Ala Gln Ser Glu Glu Cys Thr Arg Thr Glu Ile Ile Arg Asn Glu  
 115                            120                            125

Ser Ile His Pro Glu Val Gln Ile Ala Lys Asn Asp Ala Pro Leu Gln

出証特2005-3035385

130	135	140
-----	-----	-----

Tyr Asp Thr Asn Phe Gln Val Asp Phe Ile Thr Leu Val Tyr Leu Gly	145	150	155	160
---	-----	-----	-----	-----

Arg Ala Arg Gly Asn Asn Ser Pro Gly Ile Val Phe Gly Pro Trp Tyr	165	170	175
---	-----	-----	-----

Arg Thr Leu Gln Glu Arg Leu Val Leu Asp Arg Pro Val Ala Ala Arg	180	185	190
---	-----	-----	-----

Gly Val Asp Cys Lys Asp Gly Arg Ile Ser Arg Thr Phe Met Asn Thr	195	200	205
---	-----	-----	-----

Thr Val Thr Cys Leu Gln Ser Ala Gly Arg Met Tyr Val Gly Asp Arg	210	215	220
---	-----	-----	-----

Ala Tyr Ser Ala Phe Glu Cys Ala Val Leu Cys Leu Tyr Leu Met Tyr	225	230	235	240
---	-----	-----	-----	-----

Arg Thr Ser Asn Ser Val His Glu Pro Gln Val Ser Ser Phe Gly Asn	245	250	255
---	-----	-----	-----

Leu Ile Glu His Leu Pro Glu Tyr Thr Glu Thr Phe Val Asn Tyr Met	260	265	270
---	-----	-----	-----

Thr Thr His Glu Asn Lys Asn Ser Tyr Gln Phe Cys Tyr Asp Arg Leu	275	280	285
---	-----	-----	-----

Pro Arg Asp Gln Phe His Ala Arg Gly Gly Arg Tyr Asp Gln Gly Ala	290	295	300
---	-----	-----	-----

Leu Thr Ser His Ser Val Met Asp Ala Leu Ile Arg Leu Gln Val Leu	305	310	315	320
---	-----	-----	-----	-----

Pro Pro Ala Pro Gly Gln Phe Asn Pro Gly Val Asn Asp Ile Ile Asp	325	330	335
---	-----	-----	-----

Arg Asn His Thr Ala Tyr Val Asp Lys Ile Gln Gln Ala Ala Ala Ala  
 340 345 350

Tyr Leu Glu Arg Ala Gln Asn Val Phe Leu Met Glu Asp Gln Thr Leu  
 355 360 365

Leu Arg Leu Thr Ile Asp Thr Ile Thr Ala Leu Leu Leu Leu Arg Arg  
 370 375 380

Leu Leu Trp Asn Gly Asn Val Tyr Gly Asp Lys Leu Lys Asn Asn Phe  
 385 390 395 400

Gln Leu Gly Leu Ile Val Ser Glu Ala Thr Gly Thr Pro Thr Asn Asn  
 405 410 415

Val Ile Leu Arg Gly Ala Thr Gly Phe Asp Gly Lys Phe Lys Ser Gly  
 420 425 430

Asn Asn Asn Phe Gln Phe Leu Cys Glu Arg Tyr Ile Ala Pro Leu Tyr  
 435 440 445

Thr Leu Asn Arg Thr Thr Glu Leu Thr Glu Met Phe Pro Gly Leu Val  
 450 455 460

Ala Leu Cys Leu Asp Ala His Thr Gln Leu Ser Arg Gly Ser Leu Gly  
 465 470 475 480

Arg Thr Val Ile Asp Ile Ser Ser Gly Gln Tyr Gln Asp Arg Leu Ile  
 485 490 495

Ser Leu Ile Ala Leu Glu Leu Glu His Arg Arg Gln Asn Val Thr Ser  
 500 505 510

Leu Pro Ile Ala Ala Val Val Ser Ile His Asp Ser Val Met Leu Gln  
 515 520 525

Tyr Glu Arg Gly Leu Gly Met Leu Met His Gln Pro Arg Val Arg Ala

530	535	540
-----	-----	-----

Ala Leu Glu Glu Ser Arg Arg Leu Ala Gln Phe Asn Val Asn Ser Asp	545	550
		555
		560

Tyr Asp Leu Leu Tyr Phe Val Cys Leu Gly Val Ile Pro Gln Phe Ala	565	570
		575

Ser Thr Pro

<210> 63

<211> 605

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 63

Met Ala Ala Glu Ala Asp Glu Glu Asn Cys Glu Ala Leu Tyr Val Ala	1	15
	5	10

Gly Tyr Leu Ala Leu Tyr Ser Lys Asp Glu Gly Glu Leu Asn Ile Thr	20	30
	25	

Pro Glu Ile Val Arg Ser Ala Leu Pro Pro Thr Ser Lys Ile Pro Ile	35	45
	40	

Asn Ile Asp His Arg Lys Asp Cys Val Val Gly Glu Val Ile Ala Ile	50	60
	55	

Ile Glu Asp Ile Arg Gly Pro Phe Phe Leu Gly Ile Val Arg Cys Pro	65	80
	70	75

Gln Leu His Ala Val Leu Phe Glu Ala Ala His Ser Asn Phe Phe Gly	85	95
	90	

Asn Arg Asp Ser Val Leu Ser Pro Leu Glu Arg Ala Leu Tyr Leu Val	100	110
	105	

Thr Asn Tyr Leu Pro Ser Val Ser Leu Ser Ser Lys Arg Leu Ser Pro  
115 120 125

Asn Glu Ile Pro Asp Gly Asn Phe Phe Thr His Val Ala Leu Cys Val  
130 135 140

Val Gly Arg Arg Val Gly Thr Val Val Asn Tyr Asp Cys Thr Pro Glu  
145 150 155 160

Ser Ser Ile Glu Pro Phe Arg Val Leu Ser Met Glu Ser Lys Ala Arg  
165 170 175

Leu Leu Ser Leu Val Lys Asp Tyr Ala Gly Leu Asn Lys Val Trp Lys  
180 185 190

Val Ser Glu Asp Lys Leu Ala Lys Val Leu Leu Ser Thr Ala Val Asn  
195 200 205

Asn Met Leu Leu Arg Asp Arg Trp Asp Val Val Ala Lys Arg Arg Arg  
210 215 220

Glu Ala Gly Ile Met Gly His Val Tyr Leu Gln Ala Ser Thr Gly Tyr  
225 230 235 240

Gly Leu Ala Arg Ile Thr Asn Val Asn Gly Val Glu Ser Lys Leu Pro  
245 250 255

Asn Ala Gly Val Ile Asn Ala Thr Phe His Pro Gly Gly Pro Ile Tyr  
260 265 270

Asp Leu Ala Leu Gly Val Gly Glu Ser Asn Glu Asp Cys Glu Lys Thr  
275 280 285

Val Pro His Leu Lys Val Thr Gln Leu Cys Arg Asn Asp Ser Asp Met  
290 295 300

Ala Ser Val Ala Gly Asn Ala Ser Asn Ile Ser Pro Gln Pro Pro Ser  
305 310 315 320

Gly Val Pro Thr Gly Gly Glu Phe Val Leu Ile Pro Thr Ala Tyr Tyr  
 325 330 335

Ser Gln Leu Leu Thr Gly Gln Thr Lys Asn Pro Gln Val Ser Ile Gly  
 340 345 350

Ala Pro Asn Asn Gly Gln Tyr Ile Val Gly Pro Tyr Gly Ser Pro His  
 355 360 365

Pro Pro Ala Phe Pro Pro Asn Thr Gly Gly Tyr Gly Cys Pro Pro Gly  
 370 375 380

His Phe Gly Gly Pro Tyr Gly Phe Pro Gly Tyr Pro Pro Pro Asn Arg  
 385 390 395 400

Leu Glu Met Gln Met Ser Ala Phe Met Asn Ala Leu Ala Ala Glu Arg  
 405 410 415

Gly Ile Asp Leu Gln Thr Pro Cys Val Asn Phe Pro Asp Lys Thr Asp  
 420 425 430

Val Arg Arg Pro Gly Lys Arg Asp Phe Lys Ser Met Asp Gln Arg Glu  
 435 440 445

Leu Asp Ser Phe Tyr Ser Gly Glu Ser Gln Met Asp Gly Glu Phe Pro  
 450 455 460

Ser Asn Ile Tyr Phe Pro Gly Glu Pro Thr Tyr Ile Thr His Arg Arg  
 465 470 475 480

Arg Arg Val Ser Pro Ser Tyr Trp Gln Arg Arg His Arg Val Ser Asn  
 485 490 495

Gly Gln His Glu Glu Leu Ala Gly Val Val Ala Lys Leu Gln Gln Glu  
 500 505 510

Val Thr Glu Leu Lys Ser Gln Asn Gly Thr Gln Met Pro Leu Ser His  
 515 520 525

His Thr Asn Ile Pro Glu Gly Thr Arg Asp Pro Arg Ile Ser Ile Leu  
 530 535 540

Leu Lys Gln Leu Gln Ser Val Ser Gly Leu Cys Ser Ser Gln Asn Thr  
 545 550 555 560

Thr Ser Thr Pro His Thr Asp Thr Val Gly Gln Asp Val Asn Ala Val  
 565 570 575

Glu Ala Ser Ser Lys Ala Pro Leu Ile Gln Gly Ser Thr Ala Asp Asp  
 580 585 590

Ala Asp Met Phe Ala Asn Gln Met Met Val Gly Arg Cys  
 595 600 605

<210> 64

<211> 1194

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 64

Met Ala Ile Arg Thr Gly Phe Cys Asn Pro Phe Leu Thr Gln Ala Ser  
 1 5 10 15

Gly Ile Lys Tyr Asn Pro Arg Thr Gly Arg Gly Ser Asn Arg Glu Phe  
 20 25 30

Leu His Ser Tyr Lys Thr Thr Met Ser Ser Phe Gln Phe Leu Ala Pro  
 35 40 45

Lys Cys Leu Asp Glu Asp Val Pro Met Glu Glu Arg Lys Gly Val His  
 50 55 60

Val Gly Thr Leu Ser Arg Pro Pro Lys Val Tyr Cys Asn Gly Lys Glu  
 65 70 75 80

Val Pro Ile Leu Asp Phe Arg Cys Ser Ser Pro Trp Pro Arg Arg Val  
 85 90 95

Asn Ile Trp Gly Glu Ile Asp Phe Arg Gly Asp Lys Phe Asp Pro Arg  
 100 105 110

Phe Asn Thr Phe His Val Tyr Asp Ile Val Glu Thr Thr Glu Ala Ala  
 115 120 125

Ser Asn Gly Asp Val Ser Arg Phe Ala Thr Ala Thr Arg Pro Leu Gly  
 130 135 140

Thr Val Ile Thr Leu Leu Gly Met Ser Arg Cys Gly Lys Arg Val Ala  
 145 150 155 160

Val His Val Tyr Gly Ile Cys Gln Tyr Phe Tyr Ile Asn Lys Ala Glu  
 165 170 175

Val Asp Thr Ala Cys Gly Ile Arg Ser Gly Ser Glu Leu Ser Val Leu  
 180 185 190

Leu Ala Glu Cys Leu Arg Ser Ser Met Ile Thr Gln Asn Asp Ala Thr  
 195 200 205

Leu Asn Gly Asp Lys Asn Ala Phe His Gly Thr Ser Phe Lys Ser Ala  
 210 215 220

Ser Pro Glu Ser Phe Arg Val Glu Val Ile Glu Arg Thr Asp Val Tyr  
 225 230 235 240

Tyr Tyr Asp Thr Gln Pro Cys Ala Phe Tyr Arg Val Tyr Ser Pro Ser  
 245 250 255

Ser Lys Phe Thr Asn Tyr Leu Cys Asp Asn Phe His Pro Glu Leu Lys  
 260 265 270

Lys Tyr Glu Gly Arg Val Asp Ala Thr Thr Arg Phe Leu Met Asp Asn

275

280

285

Pro Gly Phe Val Ser Phe Gly Trp Tyr Gln Leu Lys Pro Gly Val Asp  
 290 295 300

Gly Glu Arg Val Arg Val Arg Pro Ala Ser Arg Gln Leu Thr Leu Ser  
 305 310 315 320

Asp Val Glu Ile Asp Cys Met Ser Asp Asn Leu Gln Ala Ile Pro Asn  
 325 330 335

Asp Asp Ser Trp Pro Asp Tyr Lys Leu Leu Cys Phe Asp Ile Glu Cys  
 340 345 350

Lys Ser Gly Gly Ser Asn Glu Leu Ala Phe Pro Asp Ala Thr His Leu  
 355 360 365

Glu Asp Leu Val Ile Gln Ile Ser Cys Leu Leu Tyr Ser Ile Pro Arg  
 370 375 380

Gln Ser Leu Glu His Ile Leu Leu Phe Ser Leu Gly Ser Cys Asp Leu  
 385 390 395 400

Pro Gln Arg Tyr Val Gln Glu Met Lys Asp Ala Gly Leu Pro Glu Pro  
 405 410 415

Thr Val Leu Glu Phe Asp Ser Glu Phe Glu Leu Leu Ile Ala Phe Met  
 420 425 430

Thr Leu Val Lys Gln Tyr Ala Pro Glu Phe Ala Thr Gly Tyr Asn Ile  
 435 440 445

Val Asn Phe Asp Trp Ala Phe Ile Met Glu Lys Leu Asn Ser Ile Tyr  
 450 455 460

Ser Leu Lys Leu Asp Gly Tyr Gly Ser Ile Asn Arg Gly Gly Leu Phe  
 465 470 475 480

Lys Ile Trp Asp Val Gly Lys Ser Gly Phe Gln Arg Arg Ser Lys Val  
 485 490 495

Lys Ile Asn Gly Leu Ile Ser Leu Asp Met Tyr Ala Ile Ala Thr Glu  
 500 505 510

Lys Leu Lys Leu Ser Ser Tyr Lys Leu Asp Ser Val Ala Arg Glu Ala  
 515 520 525

Leu Asn Glu Ser Lys Arg Asp Leu Pro Tyr Lys Asp Ile Pro Gly Tyr  
 530 535 540

Tyr Ala Ser Gly Pro Asn Thr Arg Gly Ile Ile Gly Glu Tyr Cys Ile  
 545 550 555 560

Gln Asp Ser Ala Leu Val Gly Lys Leu Phe Phe Lys Tyr Leu Pro His  
 565 570 575

Leu Glu Leu Ser Ala Val Ala Arg Leu Ala Arg Ile Thr Leu Thr Lys  
 580 585 590

Ala Ile Tyr Asp Gly Gln Gln Val Arg Ile Tyr Thr Cys Leu Leu Gly  
 595 600 605

Leu Ala Ser Ser Arg Gly Phe Ile Leu Pro Asp Gly Gly Tyr Pro Ala  
 610 615 620

Thr Phe Glu Tyr Lys Asp Val Ile Pro Asp Val Gly Asp Val Glu Glu  
 625 630 635 640

Glu Met Asp Glu Asp Glu Ser Val Ser Pro Thr Gly Thr Ser Ser Gly  
 645 650 655

Arg Asn Val Gly Tyr Lys Gly Ala Arg Val Phe Asp Pro Asp Thr Gly  
 660 665 670

Phe Tyr Ile Asp Pro Val Val Leu Asp Phe Ala Ser Leu Tyr Pro

675

680

685

Ser Ile Ile Gln Ala His Asn Leu Cys Phe Thr Thr Leu Thr Leu Asn  
 690 695 700

Phe Glu Thr Val Lys Arg Leu Asn Pro Ser Asp Tyr Ala Thr Phe Thr  
 705 710 715 720

Val Gly Gly Lys Arg Leu Phe Phe Val Arg Ser Asn Val Arg Glu Ser  
 725 730 735

Leu Leu Gly Val Leu Leu Lys Asp Trp Leu Ala Met Arg Lys Ala Ile  
 740 745 750

Arg Ala Arg Ile Pro Gly Ser Ser Asp Glu Ala Val Leu Leu Asp  
 755 760 765

Lys Gln Gln Ala Ala Ile Lys Val Val Cys Asn Ser Val Tyr Gly Phe  
 770 775 780

Thr Gly Val Ala Gln Gly Phe Leu Pro Cys Leu Tyr Val Ala Ala Thr  
 785 790 795 800

Val Thr Thr Ile Gly Arg Gln Met Leu Leu Ser Thr Arg Asp Tyr Ile  
 805 810 815

His Asn Asn Trp Ala Ala Phe Glu Arg Phe Ile Thr Ala Phe Pro Asp  
 820 825 830

Ile Glu Ser Ser Val Leu Ser Gln Lys Ala Tyr Glu Val Lys Val Ile  
 835 840 845

Tyr Gly Asp Thr Asp Ser Val Phe Ile Arg Phe Lys Gly Val Ser Val  
 850 855 860

Glu Gly Ile Ala Lys Ile Gly Glu Lys Met Ala His Ile Ile Ser Thr  
 865 870 875 880

Ala Leu Phe Cys Pro Pro Ile Lys Leu Glu Cys Glu Lys Thr Phe Ile  
885                    890                    895

Lys Leu Leu Leu Ile Thr Lys Lys Lys Tyr Ile Gly Val Ile Tyr Gly  
900 905 910

Gly Lys Val Leu Met Lys Gly Val Asp Leu Val Arg Lys Asn Asn Cys  
 915                    920                    925

Gln Phe Ile Asn Asp Tyr Ala Arg Lys Leu Val Glu Leu Leu Leu Tyr  
930 935 940

Asp Asp Thr Val Ser Arg Ala Ala Ala Glu Ala Ser Cys Val Ser Ile  
945 950 955 960

Ala Glu Trp Asn Arg Arg Ala Met Pro Ser Gly Met Ala Gly Phe Gly  
965 970 975

Arg Ile Ile Ala Asp Ala His Arg Gln Ile Thr Ser Pro Lys Leu Asp  
980 985 990

Ile Asn Lys Phe Val Met Thr Ala Glu Leu Ser Arg Pro Pro Ser Ala  
995 1000 1005

Tyr Ile Asn Arg Arg Leu Ala His Leu Thr Val Tyr Tyr Lys Leu  
 1010 1015 1020

Val Met Arg Gln Gly Gln Ile Pro Asn Val Arg Glu Arg Ile Pro  
1025 1030 1035

Tyr Val Ile Val Ala Pro Thr Asp Glu Val Glu Ala Asp Ala Lys  
1040 1045 1050

Ser Val Ala Leu Leu Arg Gly Asp Pro Leu Gln Asn Thr Ala Gly  
1055 1060 1065

Lys Arg Cys Gly Glu Ala Lys Arg Lys Leu Ile Ile Ser Asp Leu

1070	1075	1080
------	------	------

Ala Glu Asp Pro Ile His Val Thr Ser His Gly Leu Ser Leu Asn		
1085	1090	1095

Ile Asp Tyr Tyr Phe Ser His Leu Ile Gly Thr Ala Ser Val Thr		
1100	1105	1110

Phe Lys Ala Leu Phe Gly Asn Asp Thr Lys Leu Thr Glu Arg Leu		
1115	1120	1125

Leu Lys Arg Phe Ile Pro Glu Thr Arg Val Val Asn Val Lys Met		
1130	1135	1140

Leu Asn Arg Leu Gln Ala Ala Gly Phe Val Cys Ile His Ala Pro		
1145	1150	1155

Cys Trp Asp Asn Lys Met Asn Thr Glu Ala Glu Ile Thr Glu Glu		
1160	1165	1170

Glu Gln Ser His Gln Ile Met Arg Arg Val Phe Cys Ile Pro Lys		
1175	1180	1185

Ala Ile Leu His Gln Ser		
1190		

<210> 65

<211> 156

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 65

Met Tyr Glu Ser Glu Asn Ala Ser Glu His His Pro Glu Leu Glu Asp		
1	5	10
		15

Val Phe Ser Glu Asn Thr Gly Asp Ser Asn Pro Ser Met Gly Ser Ser		
20	25	30

Asp Ser Thr Arg Ser Ile Ser Gly Met Arg Ala Arg Asp Leu Ile Thr  
 35 40 45

Asp Thr Asp Val Asn Leu Leu Asn Ile Asp Ala Leu Glu Ser Lys Tyr  
 50 55 60

Phe Pro Ala Asp Ser Thr Phe Thr Leu Ser Val Trp Phe Glu Asn Leu  
 65 70 75 80

Ile Pro Pro Glu Ile Glu Ala Ile Leu Pro Thr Thr Asp Ala Gln Leu  
 85 90 95

Asn Tyr Ile Ser Phe Thr Ser Arg Leu Ala Ser Val Leu Lys His Lys  
 100 105 110

Glu Ser Asn Asp Ser Glu Lys Ser Ala Tyr Val Val Pro Cys Glu His  
 115 120 125

Ser Ala Ser Val Thr Arg Arg Glu Arg Phe Ala Gly Val Met Ala  
 130 135 140

Lys Phe Leu Asp Leu His Glu Ile Leu Lys Asp Ala  
 145 150 155

<210> 66  
 <211> 269  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 66

Met Ser Arg Arg Thr Tyr Val Arg Ser Glu Arg Arg Arg Gly Cys Gly  
 1 5 10 15

Asp Asn Leu Leu Gln Arg Ile Arg Leu Val Val Pro Ser Ala Leu Gln  
 20 25 30

Cys Cys Asp Gly Asp Leu Pro Ile Phe Asp Pro Gln Arg Pro Pro Ala  
 35 40 45

Arg Cys Val Phe Gln Phe Asn Gly Glu Asp Asn Val Ser Glu Ala Phe  
 50 55 60

Pro Val Glu Tyr Ile Met Arg Leu Met Ala Asn Trp Ala Gln Val Asp  
 65 70 75 80

Cys Asp Pro Tyr Ile Lys Ile Gln Asn Thr Gly Val Ser Val Leu Phe  
 85 90 95

Gln Gly Phe Phe Arg Pro Thr Asn Ala Pro Val Ala Glu Val Ser  
 100 105 110

Ile Asp Ser Asn Asn Val Ile Leu Ser Ser Thr Leu Ser Thr Gly Ile  
 115 120 125

Asn Leu Ser Ala Leu Glu Ser Ile Lys Arg Gly Gly Gly Ile Asp Arg  
 130 135 140

Arg Pro Leu Gln Ala Leu Met Trp Val Asn Cys Phe Val Arg Met Pro  
 145 150 155 160

Tyr Val Gln Leu Ser Phe Arg Phe Met Gly Pro Glu Asp Pro Ser Arg  
 165 170 175

Thr Ile Lys Leu Met Ala Arg Ala Thr Asp Ala Tyr Met Tyr Lys Glu  
 180 185 190

Thr Gly Asn Asn Leu Asp Glu Tyr Ile Arg Trp Arg Pro Ser Phe Arg  
 195 200 205

Ser Pro Pro Glu Asn Gly Ser Pro Asn Thr Ser Val Gln Met Gln Ser  
 210 215 220

Asp Ile Lys Pro Ala Leu Pro Asp Thr Gln Thr Thr Arg Val Trp Lys  
 225 230 235 240

Leu Ala Leu Pro Val Ala Asn Val Thr Tyr Ala Leu Phe Ile Val Ile

245

250

255

Val Leu Val Val Val Leu Gly Ala Val Leu Phe Trp Lys  
 260 265

<210> 67  
 <211> 235  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 67

Met Thr Gln Pro Ala Ser Ser Arg Val Val Phe Asp Pro Ser Asn Pro  
 1 5 10 15

Thr Thr Phe Ser Val Glu Ala Ile Ala Ala Tyr Thr Pro Val Ala Leu  
 20 25 30

Ile Arg Leu Leu Asn Ala Ser Gly Pro Leu Gln Pro Gly His Arg Val  
 35 40 45

Asp Ile Ala Asp Ala Arg Ser Ile Tyr Thr Val Gly Ala Ala Ala Ser  
 50 55 60

Ala Ala Arg Ala Arg Ala Asn His Asn Ala Asn Thr Ile Arg Arg Thr  
 65 70 75 80

Ala Met Phe Ala Glu Thr Asp Pro Met Thr Trp Leu Arg Pro Thr Val  
 85 90 95

Gly Leu Lys Arg Thr Phe Asn Pro Arg Ile Ile Arg Pro Gln Pro Pro  
 100 105 110

Asn Pro Ser Met Ser Leu Gly Ile Ser Gly Pro Thr Ile Leu Pro Gln  
 115 120 125

Lys Thr Gln Ser Ala Asp Gln Ser Ala Leu Gln Gln Pro Ala Ala Leu  
 130 135 140

Ala Phe Ser Gly Ser Ser Pro Gln His Pro Pro Pro Gln Thr Thr Ser  
 145 150 155 160

Ala Ser Val Gly Gln Gln His Val Val Ser Gly Ser Ser Gly Gln  
 165 170 175

Gln Pro Gln Gln Gly Ala Gln Ser Ser Thr Val Gln Pro Thr Thr Gly  
 180 185 190

Ser Pro Pro Ala Ala Gln Gly Val Pro Gln Ser Thr Pro Pro Pro Thr  
 195 200 205

Gln Asn Thr Pro Gln Gly Gly Lys Gly Gln Thr Leu Ser His Thr Gly  
 210 215 220

Gln Ser Gly Asn Ala Ser Arg Ser Arg Arg Val  
 225 230 235

<210> 68  
 <211> 483  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 68

Met Gly Ser Gln Pro Thr Asn Ser His Phe Thr Leu Asn Glu Gln Thr  
 1 5 10 15

Leu Cys Gly Thr Asn Ile Ser Leu Leu Gly Asn Asn Arg Phe Ile Gln  
 20 25 30

Ile Gly Asn Gly Leu His Met Thr Tyr Ala Pro Gly Phe Phe Gly Asn  
 35 40 45

Trp Ser Arg Asp Leu Thr Ile Gly Pro Arg Phe Gly Gly Leu Asn Lys  
 50 55 60

Gln Pro Ile His Val Pro Pro Lys Arg Thr Glu Thr Ala Ser Ile Gln  
 65 70 75 80

Val Thr Pro Arg Ser Ile Val Ile Asn Arg Met Asn Asn Ile Gln Ile  
 85 90 95

Asn Pro Thr Ser Ile Gly Asn Pro Gln Val Thr Ile Arg Leu Pro Leu  
 100 105 110

Asn Asn Phe Lys Ser Thr Thr Gln Leu Ile Gln Gln Val Ser Leu Thr  
 115 120 125

Asp Phe Phe Arg Pro Asp Ile Glu His Ala Gly Ser Ile Val Leu Ile  
 130 135 140

Leu Arg His Pro Ser Asp Met Ile Gly Glu Ala Asn Thr Leu Thr Gln  
 145 150 155 160

Ala Gly Arg Asp Pro Asp Val Leu Leu Glu Gly Leu Arg Asn Leu Phe  
 165 170 175

Asn Ala Cys Thr Ala Pro Trp Thr Val Gly Glu Gly Gly Leu Arg  
 180 185 190

Ala Tyr Val Thr Ser Leu Ser Phe Ile Ala Ala Cys Arg Ala Glu Glu  
 195 200 205

Tyr Thr Asp Lys Gln Ala Ala Asp Ala Asn Arg Thr Ala Ile Val Ser  
 210 215 220

Ala Tyr Gly Cys Ser Arg Met Glu Thr Arg Leu Ile Arg Phe Ser Glu  
 225 230 235 240

Cys Leu Arg Ala Met Val Gln Cys His Val Phe Pro His Arg Phe Ile  
 245 250 255

Ser Phe Phe Gly Ser Leu Leu Glu Tyr Thr Ile Gln Asp Asn Leu Cys  
 260 265 270

Asn Ile Thr Ala Val Ala Lys Gly Pro Gln Glu Ala Ala Arg Thr Asp

275

280

285

Lys Thr Ser Thr Arg Arg Val Thr Ala Asn Ile Pro Ala Cys Val Phe  
 290 295 300

Trp Asp Val Asp Lys Asp Leu His Leu Ser Ala Asp Gly Leu Lys His  
 305 310 315 320

Val Phe Leu Val Phe Val Tyr Thr Gln Arg Arg Gln Arg Glu Gly Val  
 325 330 335

Arg Leu His Leu Ala Leu Ser Gln Leu Asn Glu Gln Cys Phe Gly Arg  
 340 345 350

Gly Ile Gly Phe Leu Leu Gly Arg Ile Arg Ala Glu Asn Ala Ala Trp  
 355 360 365

Gly Thr Glu Gly Val Ala Asn Thr His Gln Pro Tyr Asn Thr Arg Ala  
 370 375 380

Leu Pro Leu Val Gln Leu Ser Asn Asp Pro Thr Ser Pro Arg Cys Ser  
 385 390 395 400

Ile Gly Glu Ile Thr Gly Val Asn Trp Asn Leu Ala Arg Gln Arg Leu  
 405 410 415

Tyr Gln Trp Thr Gly Asp Phe Arg Gly Leu Pro Thr Gln Leu Ser Cys  
 420 425 430

Met Tyr Ala Ala Tyr Thr Leu Ile Gly Thr Ile Pro Ser Glu Ser Val  
 435 440 445

Arg Tyr Thr Arg Arg Met Glu Arg Phe Gly Gly Tyr Asn Val Pro Thr  
 450 455 460

Ile Trp Leu Glu Gly Val Val Trp Gly Gly Thr Asn Thr Trp Asn Glu  
 465 470 475 480

Cys Tyr Tyr

<210> 69  
<211> 775  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 69

Met Glu Phe Lys Arg Ile Phe Asn Thr Val His Asp Ile Ile Asn Arg  
1                   5                   10                   15

Leu Cys Gln His Gly Tyr Lys Glu Tyr Ile Ile Pro Pro Glu Ser Thr  
20                   25                   30

Thr Pro Val Glu Leu Met Glu Tyr Ile Ser Thr Ile Val Ser Lys Leu  
35                   40                   45

Lys Ala Val Thr Arg Gln Asp Glu Arg Val Tyr Arg Cys Cys Gly Glu  
50                   55                   60

Leu Ile His Cys Arg Ile Asn Leu Arg Ser Val Ser Met Glu Thr Trp  
65                   70                   75                   80

Leu Thr Ser Pro Ile Leu Cys Leu Thr Pro Arg Val Arg Gln Ala Ile  
85                   90                   95

Glu Gly Arg Arg Asp Glu Ile Arg Arg Ala Ile Leu Glu Pro Phe Leu  
100               105               110

Lys Asp Gln Tyr Pro Ala Leu Ala Thr Leu Gly Leu Gln Ser Ala Leu  
115               120               125

Lys Tyr Glu Asp Phe Tyr Leu Thr Lys Leu Glu Glu Gly Lys Leu Glu  
130               135               140

Ser Leu Cys Gln Phe Phe Leu Arg Leu Ala Ala Thr Val Thr Thr Glu  
145               150               155               160

Ile Val Asn Leu Pro Lys Ile Ala Thr Leu Ile Pro Gly Ile Asn Asp  
 165                    170                    175

Gly Tyr Thr Trp Thr Asp Val Cys Arg Val Phe Phe Thr Ala Leu Ala  
 180                    185                    190

Cys Gln Lys Ile Val Pro Ala Thr Pro Val Met Met Phe Leu Gly Arg  
 195                    200                    205

Glu Thr Gly Ala Thr Ala Ser Cys Tyr Leu Met Asp Pro Glu Ser Ile  
 210                    215                    220

Thr Val Gly Arg Ala Val Arg Ala Ile Thr Gly Asp Val Gly Thr Val  
 225                    230                    235                    240

Leu Gln Ser Arg Gly Gly Val Gly Ile Ser Leu Gln Ser Leu Asn Leu  
 245                    250                    255

Ile Pro Thr Glu Asn Gln Thr Lys Gly Leu Leu Ala Val Leu Lys Leu  
 260                    265                    270

Leu Asp Cys Met Val Met Ala Ile Asn Ser Asp Cys Glu Arg Pro Thr  
 275                    280                    285

Gly Val Cys Val Tyr Ile Glu Pro Trp His Val Asp Leu Gln Thr Val  
 290                    295                    300

Leu Ala Thr Arg Gly Met Leu Val Arg Asp Glu Ile Phe Arg Cys Asp  
 305                    310                    315                    320

Asn Ile Phe Cys Cys Leu Trp Thr Pro Asp Leu Phe Phe Glu Arg Tyr  
 325                    330                    335

Leu Ser Tyr Leu Lys Gly Ala Ser Asn Val Gln Trp Thr Leu Phe Asp  
 340                    345                    350

Asn Arg Ala Asp Ile Leu Arg Thr Leu His Gly Glu Ala Phe Thr Ser  
 355 360 365

Thr Tyr Leu Arg Leu Glu Arg Glu Gly Leu Gly Val Ser Ser Val Pro  
 370 375 380

Ile Gln Asp Ile Ala Phe Thr Ile Ile Arg Ser Ala Ala Val Thr Gly  
 385 390 395 400

Ser Pro Phe Leu Met Phe Lys Asp Ala Cys Asn Arg Asn Tyr His Met  
 405 410 415

Asn Thr Gln Gly Asn Ala Ile Thr Gly Ser Asn Leu Cys Thr Glu Ile  
 420 425 430

Val Gln Lys Ala Asp Ala His Gln His Gly Val Cys Asn Leu Ala Ser  
 435 440 445

Ile Asn Leu Thr Thr Cys Leu Ser Lys Gly Pro Val Ser Phe Asn Leu  
 450 455 460

Asn Asp Leu Gln Leu Thr Ala Arg Thr Thr Val Ile Phe Leu Asn Gly  
 465 470 475 480

Val Leu Ala Ala Gly Asn Phe Pro Cys Lys Lys Ser Cys Lys Gly Val  
 485 490 495

Lys Asn Asn Arg Ser Leu Gly Ile Gly Ile Gln Gly Leu His Thr Thr  
 500 505 510

Cys Leu Arg Leu Gly Phe Asp Leu Thr Ser Gln Pro Ala Arg Arg Leu  
 515 520 525

Asn Val Gln Ile Ala Glu Leu Met Leu Tyr Glu Thr Met Lys Thr Ser  
 530 535 540

Met Glu Met Cys Lys Ile Gly Gly Leu Ala Pro Phe Lys Gly Phe Thr  
 545 550 555 560

Glu Ser Lys Tyr Ala Lys Gly Trp Leu His Gln Asp Gly Phe Ser Thr  
 565 570 575

Ile Ser Tyr Leu Asp Leu Pro Trp Cys Thr Leu Arg Asp Asp Ile Cys  
 580 585 590

Ala Tyr Gly Leu Tyr Asn Ser Gln Phe Leu Ala Leu Met Pro Thr Val  
 595 600 605

Ser Ser Ala Gln Val Thr Glu Cys Ser Glu Gly Phe Ser Pro Ile Tyr  
 610 615 620

Asn Asn Met Phe Ser Lys Val Thr Thr Ser Gly Glu Leu Leu Arg Pro  
 625 630 635 640

Asn Leu Asp Leu Met Asp Glu Leu Arg Asp Met Tyr Ser Cys Glu Glu  
 645 650 655

Lys Arg Leu Glu Val Ile Asn Ile Leu Glu Lys Asn Gln Trp Ser Val  
 660 665 670

Ile Arg Ser Phe Gly Cys Leu Ser Asn Ser His Pro Leu Leu Lys Tyr  
 675 680 685

Lys Thr Ala Phe Glu Tyr Glu Gln Glu Asp Leu Val Asp Met Cys Ala  
 690 695 700

Glu Arg Ala Pro Phe Ile Asp Gln Ser Gln Ser Met Thr Leu Phe Ile  
 705 710 715 720

Glu Glu Arg Pro Asp Gly Thr Ile Pro Ala Ser Lys Ile Met Asn Leu  
 725 730 735

Leu Ile Arg Ala Tyr Lys Ala Gly Leu Lys Thr Gly Met Tyr Tyr Cys  
 740 745 750

Lys Ile Arg Lys Ala Thr Asn Ser Gly Leu Phe Ala Gly Gly Glu Leu  
 755 760 765

Thr Cys Thr Ser Cys Ala Leu  
 770 775

<210> 70  
 <211> 306  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 70

Met Asp Gln Lys Asp Cys Ser His Phe Phe Tyr Arg Pro Glu Cys Pro  
 1 5 10 15

Asp Ile Asn Asn Leu Arg Ala Leu Ser Ile Ser Asn Arg Trp Leu Glu  
 20 25 30

Ser Asp Phe Ile Ile Glu Asp Asp Tyr Gln Tyr Leu Asp Cys Leu Thr  
 35 40 45

Glu Asp Glu Leu Ile Phe Tyr Arg Phe Ile Phe Thr Phe Leu Ser Ala  
 50 55 60

Ala Asp Asp Leu Val Asn Val Asn Leu Gly Ser Leu Thr Gln Leu Phe  
 65 70 75 80

Ser Gln Lys Asp Ile His His Tyr Tyr Ile Glu Gln Glu Cys Ile Glu  
 85 90 95

Val Val His Ala Arg Val Tyr Ser Gln Ile Gln Leu Met Leu Phe Arg  
 100 105 110

Gly Asp Glu Ser Leu Arg Val Gln Tyr Val Asn Val Thr Ile Asn Asn  
 115 120 125

Pro Ser Ile Gln Gln Lys Val Gln Trp Leu Glu Glu Lys Val Arg Asp  
 130 135 140

Asn Pro Ser Val Ala Glu Lys Tyr Ile Leu Met Ile Leu Ile Glu Gly  
 145 150 155 160

Ile Phe Phe Val Ser Ser Phe Ala Ala Ile Ala Tyr Leu Arg Asn Asn  
 165 170 175

Gly Leu Phe Val Val Thr Cys Gln Phe Asn Asp Leu Ile Ser Arg Asp  
 180 185 190

Glu Ala Ile His Thr Ser Ala Ser Cys Cys Ile Tyr Asn Asn Tyr Val  
 195 200 205

Pro Glu Lys Pro Ala Ile Thr Arg Ile His Gln Leu Phe Ser Glu Ala  
 210 215 220

Val Glu Ile Glu Cys Ala Phe Leu Lys Ser His Ala Pro Lys Thr Arg  
 225 230 235 240

Leu Val Asn Val Asp Ala Ile Thr Gln Tyr Val Lys Phe Ser Ala Asp  
 245 250 255

Arg Leu Leu Ser Ala Ile Asn Val Pro Lys Leu Phe Asn Thr Pro Pro  
 260 265 270

Pro Asp Ser Asp Phe Pro Leu Ala Phe Met Ile Ala Asp Lys Asn Thr  
 275 280 285

Asn Phe Phe Glu Arg His Ser Thr Ser Tyr Ala Gly Thr Val Ile Asn  
 290 295 300

Asp Leu  
 305

<210> 71  
 <211> 408  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

&lt;400&gt; 71

Met Asp Leu Arg Ser Arg Thr Asp Asp Ala Leu Asp Met Glu Leu His  
 1 5 10 15

Ala Gly Phe Asp Ala Pro Glu Ile Ala Arg Ala Val Leu Thr Glu Lys  
 20 25 30

Thr Leu Thr Gly Leu Ile Ser Ser Ile Ser Pro Leu Val Asn Arg Leu  
 35 40 45

Arg Asp Ser Ile Leu Ile Phe Ser Asp Glu Gly Leu Ile Ile His Cys  
 50 55 60

Ser Leu Glu Thr Glu Gln Leu Tyr Ile Pro Ile Pro Ala Asn Met Phe  
 65 70 75 80

Asp Gln Tyr Asn Trp Thr Gly Pro Arg Met Val Val Leu Ala Ala Thr  
 85 90 95

Glu Gly Arg Ser Ser Leu Ile Asp Ala Phe Arg His Thr Lys Asp Pro  
 100 105 110

Ser Thr Pro Thr Arg Leu Tyr Phe Lys Phe Thr Gly Gln Pro Pro Glu  
 115 120 125

Arg Ser Ile Ile Gln Thr Met Val Trp Gln Arg Pro Gly Asp Cys Gly  
 130 135 140

Pro Asp Asp Gln Val Gln Cys Tyr Lys Gln Val Val Lys Arg Glu Leu  
 145 150 155 160

Ala Cys Tyr Thr Met Met Phe Pro Asn Leu Thr Pro Asp Ile Ser Ile  
 165 170 175

Cys Leu Lys Arg Asp Gln Phe Thr Arg Leu Gln Arg Leu Leu Lys Thr  
 180 185 190

Phe Gly Phe Thr Thr Cys Phe Ile Leu Thr Ala Thr Asp Met Tyr Ile  
 195 200 205

Gln Thr Ala Gly Gly Phe Ile Ser Phe Asn Val Ser Leu Asp Ile  
 210 215 220

Asn Gly Ser Lys Pro Thr Pro Tyr Asn Leu Ile Arg Ser Ile Thr Asn  
 225 230 235 240

Ser Lys Arg Ile Leu Asn Asn Val Val Tyr Gly Ser Gly Ser Met Arg  
 245 250 255

Glu Phe Gly Val Leu Leu Glu Thr His Ser Gly Phe Arg Ser Ala Val  
 260 265 270

Gln Asn Leu Lys Leu Thr Arg Asp Glu Thr Cys Tyr Ile Asn Phe Tyr  
 275 280 285

Leu Ala Leu Thr Asn Ser Pro Met Val Gly Leu Tyr Ile Gln Arg Ser  
 290 295 300

Ala Pro Val His Ser Phe Phe Tyr Ala Thr Phe Leu Ser Pro Lys Asp  
 305 310 315 320

Leu Lys Glu Lys Leu Thr Ser Met Gln Leu Phe Ala Asn Met Glu Ser  
 325 330 335

Val Lys Asp Glu Pro Pro Leu Lys Lys Arg Arg Asn Leu Leu Thr Lys  
 340 345 350

Arg Asn Glu Lys Asn Thr Gly Asn Lys Met Gly Gly Lys Leu Pro Glu  
 355 360 365

Thr Thr Trp Gln Glu Gly Ile Gly Ile Arg Glu Tyr Cys Val Ala Pro  
 370 375 380

Pro Val Asp Pro Ala Gly Thr Leu Asp Tyr Ser Glu Leu Ser Arg Glu  
 385 390 395 400

Ser Asp Val Ile Cys Thr Val Lys  
405

<210> 72  
<211> 406  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 72

Met Ala Val Asn Gly Glu Arg Ala Val His Asp Glu Asn Leu Gly Val  
1 5 10 15

Leu Asp Arg Glu Leu Ile Arg Ala Gln Ser Ile Gln Gly Cys Val Gly  
20 25 30

Asn Pro Gln Glu Cys Asn Ser Cys Ala Ile Thr Ser Ala Ser Arg Leu  
35 40 45

Phe Leu Val Gly Leu Gln Ala Ser Val Ile Thr Ser Gly Leu Ile Leu  
50 55 60

Gln Tyr His Val Cys Glu Ala Ala Val Asn Ala Thr Ile Met Gly Leu  
65 70 75 80

Ile Val Val Ser Gly Leu Trp Pro Thr Ser Val Lys Phe Leu Arg Thr  
85 90 95

Leu Ala Lys Leu Gly Arg Cys Leu Gln Thr Val Val Val Leu Gly Phe  
100 105 110

Ala Val Leu Trp Ala Val Gly Cys Pro Ile Ser Arg Asp Leu Pro Phe  
115 120 125

Val Glu Leu Leu Gly Ile Ser Ile Ser Ala Ile Thr Gly Thr Val Ala  
130 135 140

Ala Val His Ile His Tyr Tyr Asn Phe Val Thr Thr Phe Asn Gly Pro

145	150	155	160
-----	-----	-----	-----

His Ile Tyr Phe Tyr Val Met Met Leu Gly Thr Gly Leu Gly Leu			
165	170	175	

Leu Thr Val Ile Leu Tyr Met Tyr Val Ser Lys Tyr Glu Val Leu Ile			
180	185	190	

Gly Leu Cys Ile Ser Ile Val Thr Leu Val Ser Ile Val Asp Ala Ala			
195	200	205	

Thr Asp Leu Gln Asp Thr Cys Ile Tyr Arg Lys Asn Arg His Lys Gln			
210	215	220	

Leu Asn Thr Tyr Thr Asp Leu Gly Phe Ala Val Val Tyr Thr Gln Asn			
225	230	235	240

Asp Arg Gly Arg Val Cys Asp His Arg Glu Ser Ser Arg Thr Leu Lys			
245	250	255	

Arg Val Phe Lys Gly Ile Arg Ile Met Ser Val Ile Pro Pro Val Leu			
260	265	270	

Tyr Ile Val Thr Pro Leu Met Trp Ala Ile Ser His Ile Ile Lys Leu			
275	280	285	

Asn His Phe Ile Lys Leu Thr Gln Val Thr Leu Ala Val Ser Ile Gly			
290	295	300	

Gly His Ile Ile Ala Phe Gly Leu Gln Gly Phe Ala Val Leu Tyr Gln			
305	310	315	320

Glu Lys Lys Asn Leu Trp Val Ile Val Leu Tyr Thr Thr Ser Val			
325	330	335	

Thr Gly Ile Ala Val Thr Phe Ala Gly Ile Ser Trp Gly Ala Ile Ile			
340	345	350	

Ile Leu Thr Ser Thr Val Ala Ala Gly Leu Thr Cys Ile Gln Met Met  
 355                           360                           365

Arg Leu Ser Val Lys Pro Ile Asp Cys Phe Met Ala Ser His Ile Thr  
 370                           375                           380

Lys Val Tyr His Val Cys Val Tyr Ile Ile Ile Asn Leu Cys Tyr Leu  
 385                           390                           395                           400

Cys Gly Thr Tyr Val Ser  
 405

<210> 73

<211> 560

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 73

Met Lys Arg Ile Gln Ile Asn Leu Ile Leu Thr Ile Ala Cys Ile Gln  
 1                           5                           10                           15

Leu Ser Thr Glu Ser Gln Pro Thr Pro Val Ser Ile Thr Glu Leu Tyr  
 20                           25                           30

Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser  
 35                           40                           45

Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala  
 50                           55                           60

Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg  
 65                           70                           75                           80

Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro  
 85                           90                           95

Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro  
 100                           105                           110

Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val  
115 120 125

Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Ala Asn Thr  
130 135 140

Gln His Ser Gln Pro Pro Phe Leu Tyr Glu Asn Ile Gln Cys Val His  
145 150 155 160

Gly Gly Ile Gln Ser Ile Pro Tyr Phe His Thr Phe Ile Met Pro Cys  
165 170 175

Tyr Met Arg Leu Thr Thr Gly Gln Gln Ala Ala Phe Lys Gln Gln Gln  
180 185 190

Lys Thr Tyr Glu Gln Tyr Ser Leu Asp Pro Glu Gly Ser Asn Ile Thr  
195 200 205

Arg Trp Lys Ser Leu Ile Arg Pro Asp Leu His Ile Glu Val Trp Phe  
210 215 220

Thr Arg His Leu Ile Asp Pro His Arg Gln Leu Gly Asn Ala Leu Ile  
225 230 235 240

Arg Met Pro Asp Leu Pro Val Met Leu Tyr Ser Asn Ser Ala Asp Leu  
245 250 255

Asn Leu Ile Asn Asn Pro Glu Ile Phe Thr His Ala Lys Glu Asn Tyr  
260 265 270

Val Ile Pro Asp Val Lys Thr Thr Ser Asp Phe Ser Val Thr Ile Leu  
275 280 285

Ser Met Asp Ala Thr Thr Glu Gly Thr Tyr Ile Trp Arg Val Val Asn  
290 295 300

Thr Lys Thr Lys Asn Val Ile Ser Glu His Ser Ile Thr Val Thr Thr  
 305 310 315 320

Tyr Tyr Arg Pro Asn Ile Thr Val Val Gly Asp Pro Val Leu Thr Gly  
 325 330 335

Gln Thr Tyr Ala Ala Tyr Cys Asn Val Ser Lys Tyr Tyr Pro Pro His  
 340 345 350

Ser Val Arg Val Arg Trp Thr Ser Arg Phe Gly Asn Ile Gly Lys Asn  
 355 360 365

Phe Ile Thr Asp Ala Ile Gln Glu Tyr Ala Asn Gly Leu Phe Ser Tyr  
 370 375 380

Val Ser Ala Val Arg Ile Pro Gln Gln Lys Gln Met Asp Tyr Pro Pro  
 385 390 395 400

Pro Ala Ile Gln Cys Asn Val Leu Trp Ile Arg Asp Gly Val Ser Asn  
 405 410 415

Met Lys Tyr Ser Ala Val Val Thr Pro Asp Val Tyr Pro Phe Pro Asn  
 420 425 430

Val Ser Ile Gly Ile Ile Asp Gly His Ile Val Cys Thr Ala Lys Cys  
 435 440 445

Val Pro Arg Gly Val Val His Phe Val Trp Trp Val Asn Asp Ser Pro  
 450 455 460

Ile Asn His Glu Asn Ser Glu Ile Thr Gly Val Cys Asp Gln Asn Lys  
 465 470 475 480

Arg Phe Val Asn Met Gln Ser Ser Cys Pro Thr Ser Glu Leu Asp Gly  
 485 490 495

Pro Ile Thr Tyr Ser Cys His Leu Asp Gly Tyr Pro Lys Lys Phe Pro  
 500 505 510

Pro Phe Ser Ala Val Tyr Thr Tyr Asp Ala Ser Thr Tyr Ala Thr Thr  
 515 520 525

Phe Ser Val Val Ala Val Ile Ile Gly Val Ile Ser Ile Leu Gly Thr  
 530 535 540

Leu Gly Leu Ile Ala Val Ile Ala Thr Leu Cys Ile Arg Cys Cys Ser  
 545 550 555 560

<210> 74  
 <211> 396  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster  
  
 <400> 74

Met Asn Glu Ala Val Ile Asp Pro Ile Leu Glu Thr Ala Val Asn Thr  
 1 5 10 15

Gly Asp Met Phe Cys Ser Gln Thr Ile Pro Asn Arg Cys Leu Lys Asp  
 20 25 30

Thr Ile Leu Ile Glu Val Gln Pro Glu Cys Ala Asp Thr Leu Gln Cys  
 35 40 45

Val Leu Asp Asp Lys Val Ser Arg His Gln Pro Leu Leu Leu Arg Asn  
 50 55 60

His Lys Lys Leu Glu Leu Pro Ser Glu Lys Ser Val Thr Arg Gly Gly  
 65 70 75 80

Phe Tyr Met Gln Gln Leu Glu Leu Leu Val Lys Ser Ala Pro Pro Asn  
 85 90 95

Glu Tyr Ala Leu Leu Leu Ile Gln Cys Lys Asp Thr Ala Leu Ala Asp  
 100 105 110

Glu Asp Asn Phe Phe Val Ala Asn Gly Val Ile Asp Ala Gly Tyr Arg

115

120

125

Gly Val Ile Ser Ala Leu Leu Tyr Tyr Arg Pro Gly Val Thr Val Ile  
 130 135 140

Leu Pro Gly His Leu Thr Ile Tyr Leu Phe Pro Val Lys Leu Arg Gln  
 145 150 155 160

Ser Arg Leu Leu Pro Lys Asn Val Leu Lys His Leu Asp Pro Ile Phe  
 165 170 175

Lys Ser Ile Gln Val Gln Pro Leu Ser Asn Ser Pro Ser Asn Tyr Glu  
 180 185 190

Lys Pro Val Ile Pro Glu Phe Ala Asp Ile Ser Thr Val Gln Gln Gly  
 195 200 205

Gln Pro Leu His Arg Asp Ser Ala Glu Tyr His Ile Asp Val Pro Leu  
 210 215 220

Thr Tyr Lys His Ile Ile Asn Pro Lys Arg Gln Glu Asp Ala Gly Tyr  
 225 230 235 240

Asp Ile Cys Val Pro Tyr Asn Leu Tyr Leu Lys Arg Asn Glu Phe Ile  
 245 250 255

Lys Ile Val Leu Pro Ile Ile Arg Asp Trp Asp Leu Gln His Pro Ser  
 260 265 270

Ile Asn Ala Tyr Ile Phe Gly Arg Ser Ser Lys Ser Arg Ser Gly Ile  
 275 280 285

Ile Val Cys Pro Thr Ala Trp Pro Ala Gly Glu His Cys Lys Phe Tyr  
 290 295 300

Val Tyr Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile Arg Ile Lys Thr Gly Asp Arg  
 305 310 315 320

Leu Ala Gln Val Leu Leu Ile Asp His Asn Thr Gln Ile His Leu Lys  
325 330 335

His Asn Val Leu Ser Asn Ile Ala Phe Pro Tyr Ala Ile Arg Gly Lys  
 340                    345                    350

Cys Gly Ile Pro Gly Val Gln Trp Tyr Phe Thr Lys Thr Leu Asp Leu  
 355                    360                    365

Ile Ala Thr Pro Ser Glu Arg Gly Thr Arg Gly Phe Gly Ser Thr Asp  
370 375 380

Lys Glu Thr Asn Asp Val Asp Phe Leu Leu Lys His  
385 390 395

<210> 75  
<211> 1083  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 75

Met Asp Lys Ser Ser Lys Pro Thr Ile Arg Leu Leu Phe Ala Thr Lys  
1 5 10 15

Gly Cys Ala Ile Ser His Ser Leu Leu Leu Leu Thr Gly Gln Ile Ser  
 20 25 30

Thr Glu Pro Leu Tyr Val Val Ser Tyr Thr Trp Thr Pro Asp Leu Asp  
 35                  40                  45

Asp Val Phe Val Lys Asn Gly Arg Glu Glu Ile Thr Gln Val Ile Pro  
50                    55                    60

Thr Lys Arg Pro Arg Glu Val Thr Glu Asn Asp Glu Glu Asn Gln Ile  
65                   70                   75                   80

Met His Leu Phe Cys Ser Arg Asp Val Asn Val Ile Phe Tyr Leu Ile  
 85                    90                    95

Gly Gly Phe Ser Thr Gly Asp Val Arg Ser Arg Val Trp Pro Ile Phe  
 100 105 110

Phe Cys Cys Phe Lys Thr Gln Thr Asp Phe Lys Ala Leu Tyr Lys Ala  
 115 120 125

Leu Trp Tyr Gly Ala Pro Leu Asn Pro His Ile Ile Ser Asp Thr Leu  
 130 135 140

Cys Ile Ser Glu Thr Phe Asp Ile His Ser Glu Val Ile Gln Thr Leu  
 145 150 155 160

Met Val Thr Thr His His Leu Asn Arg Lys Gly Leu Ser Asp Asn Gly  
 165 170 175

Leu Cys Ile Thr Glu Ala Thr Leu Cys Lys Leu Val Lys Lys Ser Val  
 180 185 190

Gly Arg Gln Glu Leu Thr Ser Leu Tyr Ala His Tyr Glu Arg Gln Val  
 195 200 205

Leu Ala Ala Tyr Arg Arg Leu Tyr Trp Gly Tyr Gly Cys Ser Pro Phe  
 210 215 220

Trp Tyr Ile Val Arg Phe Gly Pro Ser Glu Lys Thr Leu Val Leu Ala  
 225 230 235 240

Thr Arg Tyr Tyr Leu Leu Gln Thr Asp Thr Ser Tyr Asn Thr Leu Glu  
 245 250 255

Thr Pro Leu Tyr Asp Leu Gln Ala Ile Lys Asp Leu Phe Leu Thr Tyr  
 260 265 270

Gln Val Pro Ala Leu Pro Asn Cys Ser Gly Tyr Asn Ile Ser Asp Leu  
 275 280 285

Leu Ser Phe Asp Lys Leu Ser Met Phe Cys Cys Ser Ser Thr Tyr Thr  
 290 295 300

Arg Gly Leu Thr Ala Lys Asn Ala Leu Ser Tyr Ile Leu Gln Arg Ile  
 305 310 315 320

His Thr Asp Thr Thr Glu Ile His Ala Val Ser Glu Tyr Ile Thr Asn  
 325 330 335

Asp Arg Lys Gly Leu Lys Val Pro Asp Arg Glu Phe Val Asp Tyr Ile  
 340 345 350

Tyr Leu Ala His Phe Glu Cys Phe Asn Arg Lys Gln Ile Ala Asp His  
 355 360 365

Leu Gln Ala Val Thr Tyr Ser Asp Phe Val Asn Lys Pro Val Leu Leu  
 370 375 380

Lys Ser Ser Asn Leu Gly Lys Arg Ala Thr Ala Asn Phe Phe Asn His  
 385 390 395 400

Val Arg Ser Arg Leu Asn Met Arg Asp Tyr Ile Lys Lys Asn Val Ile  
 405 410 415

Cys Asp Val Thr Glu Leu Gly Pro Glu Ile Gly His Lys Tyr Thr Ile  
 420 425 430

Thr Lys Thr Tyr Thr Leu Ser Leu Thr Tyr Ala Ala Lys Pro Ser Lys  
 435 440 445

Phe Ile Gly Val Cys Asp Leu Ala Thr Thr Leu Thr Arg Arg Val Glu  
 450 455 460

Asn Ile Glu Lys Gln Phe Ser Pro Tyr Gly Trp Ser Ser Thr Ile Pro  
 465 470 475 480

Ser Asn Pro Pro Gly Phe Asp Glu Leu Ser Asn Phe Glu Asp Ser Gly  
 485 490 495

Val Ser Ala Glu Ala Leu Arg Ala Ala Asn Phe Ala Asn Asp Thr Pro  
 500 505 510

Asn Gln Ser Gly Arg Thr Gly Phe Asp Thr Ser Pro Gly Ile Thr Lys  
 515 520 525

Leu Leu Leu Phe Phe Ser Ala Ala Thr Gly Ile Ala Thr His Asp Val  
 530 535 540

Ser Ile Leu Ser Tyr Lys Thr Pro Leu Glu Ala Leu Ile Gly His Ser  
 545 550 555 560

Glu Val Thr Gly Pro Met Pro Val Tyr Arg Val Ala Leu Pro His Gly  
 565 570 575

Ala Gln Ala Phe Ala Val Ile Ala Asn Asp Thr Trp Ser Ser Ile Thr  
 580 585 590

Asn Arg Tyr Thr Leu Pro His Glu Ala Arg Leu Ile Ala Glu Asp Leu  
 595 600 605

Lys Gln Ile Asn Pro Cys Asn Phe Val Ala Ala Ser Leu Arg Asp Met  
 610 615 620

Gln Leu Thr Leu Leu Leu Ser Thr Ser Val Lys Asn Val Ser Lys Ile  
 625 630 635 640

Ser Ser Asn Ile Pro Lys Asp Gln Leu Tyr Ile Asn Arg Asn Glu Leu  
 645 650 655

Phe Asn Thr Asn Leu Ile Ile Thr Asn Leu Ile Leu Asp Val Asp Phe  
 660 665 670

His Ile Arg Lys Pro Ile Pro Leu Gly Ile Leu His Ala Gly Met Arg  
 675 680 685

Ala Phe Arg His Gly Ile Leu Thr Ala Met Gln Leu Leu Phe Pro Lys  
690 695 700

Ala Val Val Asn Pro Asn Lys Asp Pro Cys Tyr Phe Tyr Lys Thr Ala  
705 710 715 720

Cys Pro Glu Pro Thr Val Glu Val Leu Asp Asp Asp Asn Leu Leu Asp  
725 730 735

Ile Thr Ser His Ser Asp Ile Asp Phe Tyr Ile Glu Asn Gly Glu Leu  
740 745 750

Tyr Thr Cys Val Glu Glu Asn Tyr Thr Glu Asp Val Trp Phe Phe Asp  
755 760 765

Thr Gln Thr Thr Ser Glu Val His Thr His Ala Asp Val Ser Asn Asn  
770 775 780

Glu Asn Leu His Glu Thr Leu Pro Cys Asn Cys Lys Glu Lys Ile Gly  
785 790 795 800

Phe Arg Val Cys Val Pro Ile Pro Asn Pro Tyr Ala Leu Val Gly Ser  
805 810 815

Ser Thr Leu Lys Gly Phe Ala Gln Ile Leu Gln Gln Ala Val Leu Leu  
820 825 830

Glu Arg Glu Phe Val Glu Tyr Ile Gly Pro Tyr Leu Arg Asp Phe Ser  
835 840 845

Phe Ile Asp Thr Gly Val Tyr Ser His Gly His Ser Leu Arg Leu Pro  
850 855 860

Phe Phe Ser Lys Val Thr Thr Gly Thr Ala Val Gly Gln Leu Leu  
865 870 875 880

Pro Phe Tyr Val Val Pro Glu Gln Cys Ile Asp Ile Leu Ala Phe Val  
885 890 895

Thr Ser His Arg Asn Pro Ala Asn Phe His Phe His Ser Arg Pro Gln  
 900 905 910

Ser Asn Val Pro Val Gln Phe Ile Leu His Asn Leu Gly Gly Glu Tyr  
 915 920 925

Ala Glu Phe Phe Glu Arg Lys Val Ala Arg Asn Lys Gln Ile Phe Ser  
 930 935 940

Ser Pro Gln Ile Ser Leu Thr Lys Ala Leu Lys Glu Arg Gly Val Thr  
 945 950 955 960

Cys Leu Asp Ala Phe Thr Leu Glu Ala Phe Val Asp Ser Thr Ile Leu  
 965 970 975

Glu Ser Ile Val Glu His Ile Ala Val His Phe Pro Gly Arg Asp Arg  
 980 985 990

Glu Tyr Thr Leu Thr Ser Ser Lys Cys Ile Ala Ile Lys Arg Asp Trp  
 995 1000 1005

Val Leu Phe Gln Leu Ile Cys Gly Thr Lys Gly Phe Thr Cys Leu  
 1010 1015 1020

Arg Tyr Pro His Arg Gly Gly Arg Thr Ala Pro Arg Thr Phe Val  
 1025 1030 1035

Ser Leu Arg Val Asp His His Asn Arg Leu Cys Ile Ser Leu Ala  
 1040 1045 1050

Gln Gln Cys Phe Ala Thr Lys Cys Asp Ser Asn Arg Met His Thr  
 1055 1060 1065

Ile Phe Thr Leu Glu Val Pro Asn Tyr Pro Asn Leu Thr Ser Ser  
 1070 1075 1080

<210> 76  
<211> 340  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 76

Met Gln Ala Leu Gly Ile Lys Thr Glu His Phe Ile Ile Met Cys Leu  
1 5 10 15

Leu Ser Gly His Ala Val Phe Thr Leu Trp Tyr Thr Ala Arg Val Lys  
20 25 30

Phe Glu His Glu Cys Val Tyr Ala Thr Thr Val Ile Asn Gly Gly Pro  
35 40 45

Val Val Trp Gly Ser Tyr Asn Asn Ser Leu Ile Tyr Val Thr Phe Val  
50 55 60

Asn His Ser Thr Phe Leu Asp Gly Leu Ser Gly Tyr Asp Tyr Ser Cys  
65 70 75 80

Arg Glu Asn Leu Leu Ser Gly Asp Thr Met Val Lys Thr Ala Ile Ser  
85 90 95

Thr Pro Leu His Asp Lys Ile Arg Ile Val Leu Gly Thr Arg Asn Cys  
100 105 110

His Ala Tyr Phe Trp Cys Val Gln Leu Lys Met Ile Phe Phe Ala Trp  
115 120 125

Phe Val Tyr Gly Met Tyr Leu Gln Phe Arg Arg Ile Arg Arg Met Phe  
130 135 140

Gly Pro Phe Arg Ser Ser Cys Glu Leu Ile Ser Pro Thr Ser Tyr Ser  
145 150 155 160

Leu Asn Tyr Val Thr Arg Val Ile Ser Asn Ile Leu Leu Gly Tyr Pro  
165 170 175

Tyr Thr Lys Leu Ala Arg Leu Leu Cys Asp Val Ser Met Arg Arg Asp  
 180 185 190

Gly Met Ser Lys Val Phe Asn Ala Asp Pro Ile Ser Phe Leu Tyr Met  
 195 200 205

His Lys Gly Val Thr Leu Leu Met Leu Leu Glu Val Ile Ala His Ile  
 210 215 220

Ser Ser Gly Cys Ile Val Leu Leu Thr Leu Gly Val Ala Tyr Thr Pro  
 225 230 235 240

Cys Ala Leu Leu Tyr Pro Thr Tyr Ile Arg Ile Leu Ala Trp Val Val  
 245 250 255

Val Cys Thr Leu Ala Ile Val Glu Leu Ile Ser Tyr Val Arg Pro Lys  
 260 265 270

Pro Thr Lys Asp Asn His Leu Asn His Ile Asn Thr Gly Gly Ile Arg  
 275 280 285

Gly Ile Cys Thr Thr Cys Cys Ala Thr Val Met Ser Gly Leu Ala Ile  
 290 295 300

Lys Cys Phe Tyr Ile Val Ile Phe Ala Ile Ala Val Val Ile Phe Met  
 305 310 315 320

His Tyr Glu Gln Arg Val Gln Val Ser Leu Phe Gly Glu Ser Glu Asn  
 325 330 335

Ser Gln Lys His  
 340

<210> 77

<211> 452

<212> PRT

<213> Varicella zoster

&lt;400&gt; 77

Met Ala Ser Ala Ser Ile Pro Thr Asp Pro Asp Val Ser Thr Ile Cys  
 1 5 10 15

Glu Asp Phe Met Asn Leu Leu Pro Asp Glu Pro Ser Asp Asp Phe Ala  
 20 25 30

Leu Glu Val Thr Asp Trp Ala Asn Asp Glu Ala Ile Gly Ser Thr Pro  
 35 40 45

Gly Glu Asp Ser Thr Thr Ser Arg Thr Val Tyr Val Glu Arg Thr Ala  
 50 55 60

Asp Thr Ala Tyr Asn Pro Arg Tyr Ser Lys Arg Arg His Gly Arg Arg  
 65 70 75 80

Glu Ser Tyr His His Asn Arg Pro Lys Thr Leu Val Val Val Leu Pro  
 85 90 95

Asp Ser Asn His His Gly Gly Arg Asp Val Glu Thr Gly Tyr Ala Arg  
 100 105 110

Ile Glu Arg Gly His Arg Arg Ser Ser Arg Ser Tyr Asn Thr Gln Ser  
 115 120 125

Ser Arg Lys His Arg Asp Arg Ser Leu Ser Asn Arg Arg Arg Arg Pro  
 130 135 140

Thr Thr Pro Pro Ala Met Thr Thr Gly Glu Arg Asn Asp Gln Thr His  
 145 150 155 160

Asp Glu Ser Tyr Arg Leu Arg Phe Ser Lys Arg Asp Ala Arg Arg Glu  
 165 170 175

Arg Ile Arg Lys Glu Tyr Asp Ile Pro Val Asp Arg Ile Thr Gly Arg  
 180 185 190

Ala Ile Glu Val Val Ser Thr Ala Gly Ala Ser Val Thr Ile Asp Ser  
 195 200 205

Val Arg His Leu Asp Glu Thr Ile Glu Lys Leu Val Val Arg Tyr Ala  
 210 215 220

Thr Ile Gln Glu Gly Asp Ser Trp Ala Ser Gly Gly Cys Phe Pro Gly  
 225 230 235 240

Ile Lys Gln Asn Thr Ser Trp Pro Glu Leu Met Leu Tyr Gly His Glu  
 245 250 255

Leu Tyr Arg Thr Phe Glu Ser Tyr Lys Met Asp Ser Arg Ile Ala Arg  
 260 265 270

Ala Leu Arg Glu Arg Val Ile Arg Gly Glu Ser Leu Ile Glu Ala Leu  
 275 280 285

Glu Ser Ala Asp Glu Leu Leu Thr Trp Ile Lys Met Leu Ala Ala Lys  
 290 295 300

Asn Leu Pro Ile Tyr Thr Asn Asn Pro Ile Val Ala Thr Ser Lys Ser  
 305 310 315 320

Leu Leu Glu Asn Leu Lys Leu Lys Leu Gly Pro Phe Val Arg Cys Leu  
 325 330 335

Leu Leu Asn Arg Asp Asn Asp Leu Gly Ser Arg Thr Leu Pro Glu Leu  
 340 345 350

Leu Arg Gln Gln Arg Phe Ser Asp Ile Thr Cys Ile Thr Thr Tyr Met  
 355 360 365

Phe Val Met Ile Ala Arg Ile Ala Asn Ile Val Val Arg Gly Ser Lys  
 370 375 380

Phe Val Glu Tyr Asp Asp Ile Ser Cys Asn Val Gln Val Leu Gln Glu  
 385 390 395 400

Tyr Thr Pro Gly Ser Cys Leu Ala Gly Val Leu Glu Ala Leu Ile Thr  
 405                          410                          415

His Gln Arg Glu Cys Gly Arg Val Glu Cys Thr Leu Ser Thr Trp Ala  
 420                          425                          430

Gly His Leu Ser Asp Ala Arg Pro Tyr Gly Lys Tyr Phe Lys Cys Ser  
 435                          440                          445

Thr Phe Asn Cys  
 450

<210> 78  
 <211> 179  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 78

Met Asp Thr Thr Gly Ala Ser Glu Ser Ser Gln Pro Ile Arg Val Asn  
 1                        5                        10                        15

Leu Lys Pro Asp Pro Leu Ala Ser Phe Thr Gln Val Ile Pro Pro Leu  
 20                        25                        30

Ala Leu Glu Thr Thr Trp Thr Cys Pro Ala Asn Ser His Ala Pro Thr  
 35                        40                        45

Pro Ser Pro Leu Tyr Gly Val Lys Arg Leu Cys Ala Leu Arg Ala Thr  
 50                        55                        60

Cys Gly Arg Ala Asp Asp Leu His Ala Phe Leu Ile Gly Leu Gly Arg  
 65                        70                        75                        80

Arg Asp Lys Pro Ser Glu Ser Pro Met Tyr Val Asp Leu Gln Pro Phe  
 85                        90                        95

Cys Ser Leu Leu Asn Ser Gln Arg Leu Leu Pro Glu Met Ala Asn Tyr

100

105

110

Asn Thr Leu Cys Asp Ala Pro Phe Ser Ala Ala Thr Gln Gln Met Met  
 115                   120                   125

Leu Glu Ser Gly Gln Leu Gly Val His Leu Ala Ala Ile Gly Tyr His  
 130                   135                   140

Cys His Cys Lys Ser Pro Phe Ser Ala Glu Cys Trp Thr Gly Ala Ser  
 145                   150                   155                   160

Glu Ala Tyr Asp His Val Val Cys Gly Gly Lys Ala Arg Ala Ala Val  
 165                   170                   175

Gly Gly Leu

<210> 79

<211> 108

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 79

Met Ser Arg Val Ser Glu Tyr Gly Val Pro Glu Gly Val Arg Glu Ser  
 1                   5                   10                   15

Asp Ser Asp Thr Asp Ser Val Phe Met Tyr Gln His Thr Glu Leu Met  
 20                   25                   30

Gln Asn Asn Ala Ser Pro Leu Val Val Gln Thr Arg Pro Pro Ala Val  
 35                   40                   45

Leu Ile Pro Leu Val Asp Val Pro Arg Pro Arg Ser Arg Arg Lys Ala  
 50                   55                   60

Ser Ala Gln Leu Lys Met Gln Met Asp Arg Leu Cys Asn Val Leu Gly  
 65                   70                   75                   80

Val Val Leu Gln Met Ala Thr Leu Ala Leu Val Thr Tyr Ile Ala Phe  
 85 90 95

Val Val His Thr Arg Ala Thr Ser Cys Lys Arg Glu  
 100 105

<210> 80  
 <211> 5743  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1056)

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (4556)..(5740)

<400> 80  
 atg tca ttg ata atg ttt ggt cgt acg ctt ggt gaa gaa tct gta aga 48  
 Met Ser Leu Ile Met Phe Gly Arg Thr Leu Gly Glu Ser Val Arg  
 1 5 10 15

tat ttt gaa cgt cta aag cgt cgt agg gat gaa cgc ttt ggg acg ttg 96  
 Tyr Phe Glu Arg Leu Lys Arg Arg Asp Glu Arg Phe Gly Thr Leu  
 20 25 30

gag tcc cct acc ccg tgt tcc acg cgg caa ggg tct ctg gga aac gca 144  
 Glu Ser Pro Thr Pro Cys Ser Thr Arg Gln Gly Ser Leu Gly Asn Ala  
 35 40 45

acc caa atc ccg ttt ctg aat ttt gct ata gat gta acc cga cgt cat 192  
 Thr Gln Ile Pro Phe Leu Asn Phe Ala Ile Asp Val Thr Arg Arg His  
 50 55 60

cag gcc gtt att ccc gga att gga acg ctt cac aac tgt tgt gaa tat 240  
 Gln Ala Val Ile Pro Gly Ile Gly Thr Leu His Asn Cys Cys Glu Tyr  
 65 70 75 80

att cca ctg ttc tcg gct act gct cga cgg gca atg ttt ggc gcg ttt 288  
 Ile Pro Leu Phe Ser Ala Thr Ala Arg Arg Ala Met Phe Gly Ala Phe  
 85 90 95

cta tcg tca aca ggg tac aac tgt acc ccc aat gta gtt ttg aaa cca 336  
 Leu Ser Ser Thr Gly Tyr Asn Cys Thr Pro Asn Val Val Leu Lys Pro  
 100 105 110

tgg cga tat tcg gta aat gca aac gta agc cct gaa tta aaa aag gct Trp Arg Tyr Ser Val Asn Ala Asn Val Ser Pro Glu Leu Lys Lys Ala 115 120 125	384
gtc agt agt gta cag ttt tat gaa tat tca ccg gaa gca gca cct Val Ser Ser Val Gln Phe Tyr Glu Tyr Ser Pro Glu Glu Ala Ala Pro 130 135 140	432
cat cga aat gcg tat agc ggt gtt atg aac aca ttt cgc gcg ttt tct His Arg Asn Ala Tyr Ser Gly Val Met Asn Thr Phe Arg Ala Phe Ser 145 150 155 160	480
ctg tcg gat agt ttc tgt cag ttg tct acc ttt aca caa cgg ttt tcg Leu Ser Asp Ser Phe Cys Gln Leu Ser Thr Phe Thr Gln Arg Phe Ser 165 170 175	528
tac ctt gtg gaa aca tct ttt gag agt att gaa gag tgt gga agt cat Tyr Leu Val Glu Thr Ser Phe Glu Ser Ile Glu Glu Cys Gly Ser His 180 185 190	576
ggc aaa cgc gca aag gtt gac gtt cca atc tat ggc aga tat aag ggg Gly Lys Arg Ala Lys Val Asp Val Pro Ile Tyr Gly Arg Tyr Lys Gly 195 200 205	624
acg ttg gaa ctg ttt caa aaa atg atc ctc atg cac acc acg cat ttt Thr Leu Glu Leu Phe Gln Lys Met Ile Leu Met His Thr Thr His Phe 210 215 220	672
att tca tcg gtg cta ttg ggc gat cat gcc gac aga gtt gac tgc ttt Ile Ser Ser Val Leu Leu Gly Asp His Ala Asp Arg Val Asp Cys Phe 225 230 235 240	720
ctg cgt aca gtg ttt aac acg cca agt gtt tct gac agt gtt tta gaa Leu Arg Thr Val Phe Asn Thr Pro Ser Val Ser Asp Ser Val Leu Glu 245 250 255	768
cac ttc aaa caa aaa tca act gtg ttt ttg gta cca cgt aga cat ggg His Phe Lys Gln Lys Ser Thr Val Phe Leu Val Pro Arg Arg His Gly 260 265 270	816
aaa aca tgg ttt ctt gta cca tta ata gct tta gta atg gcc acg ttt Lys Thr Trp Phe Leu Val Pro Leu Ile Ala Leu Val Met Ala Thr Phe 275 280 285	864
aga gga att aaa gtg ggt tat acg gct cat ata cgc aaa gca acg gaa Arg Gly Ile Lys Val Gly Tyr Thr Ala His Ile Arg Lys Ala Thr Glu 290 295 300	912
ccc gtg ttt gag ggt atc aag tct cgc ctg gaa cag tgg ttt ggg gca	960

Pro Val Phe Glu Gly Ile Lys Ser Arg Leu Glu Gln Trp Phe Gly Ala				
305	310	315	320	
aat tac gtg gat cat gta aaa ggc gaa tct att acg ttt tca ttt acc				1008
Asn Tyr Val Asp His Val Lys Gly Glu Ser Ile Thr Phe Ser Phe Thr				
325	330	335		
gac ggg tct tac agc aca gcg gtg ttc gcg tca agt cac aac aca aac				1056
Asp Gly Ser Tyr Ser Thr Ala Val Phe Ala Ser Ser His Asn Thr Asn				
340	345	350		
gtgagtgttt tataaattta accttaata tattactgta aatgttgaca tatactttc				1116
cacaacggcg gttgagttaa ggtatactag gtgggtgttag gttccgggttc acccgataat				1176
cttgtgtct cggggaagca aattcgctga agcagaccac agccgttaat aatagccgg				1236
cttaatgttt ctccaaacat ataaagctgc cacccagatg aatttactgg tacagagaga				1296
ccactggcgt tggtccgc tataacgtcg ccaagatgg cgtaatgct aggatttta				1356
gtactcgtaa ttcaatgca ggtggtgaca tctacaaaaa gaacctgcgt ggcccaatg				1416
tctacctcca cttaattc ccgctgaccg gccttctcc acatacacgg agcccaacac				1476
acacaacctt ccgcatgatt tgtgacatgg ggtaacgcat acagtcccc cacgtgaact				1536
ctatgattac attcatcaca tccgtccgca tggctgagga gtcgattaa tacagagcca				1596
agtatccgag catccatcc ggcggacat agccctatta aattagttc catagccagt				1656
acatataaac gcctcggttc gtctgaccac cacactcccg gagaataac ttacatgct				1716
tatggatttt tcggaagccg cgggggttgt aagttagttgc ttaagttgg cggtggta				1776
agatctgcgg ggggtggatc tgctcgagga tccggatag atgttggaa ggggtacgct				1836
atcggttct taaacgttgc tccaaaaaca tggctatgt ttcaaccgg ataaattctt				1896
aaagtgcgg tcattgcgtc cgagacctcg taattaaaat ttacaattac atgaaaagtc				1956
ttcggaggtt agttcatctg acgtggcgc gtatgtaaa ttgtggctac aacaacggca				2016
atatttagtag tatccgttt aagggggata aacggagcga tcctaaagt tataaaagca				2076
gttgcgtca ttatccac ccgggatcg gtcaggatgg acttccataa tcccatatcc				2136
agcgtaatg catcgagact gcctcggtt ttaattgcgt cgctgcaccc				2196
gtagcggtgt acagcgaaa tatgcgtgt aattccatga gcagaaaaac agtctagcgg				2256

attgccgccc gggtaacttgt gggtttaatg ccacccaccc gtttattttt tattttaaa 2316  
 ggggtggaa acgggagaaa tgacgtaaaa ttacatatga agagattctg gtgttatgtt 2376  
 tttatagtga cactaatttta tttatgggg ttggaaatag agaagcagaa tctgtctaga 2436  
 atagggtccga ttaacgatgc aggttagtgct gcctgttaggg tatcggtaat acaaaaacat 2496  
 gccgcaaatc cccccggtaa aactaaaatg gattgttaatt gctggtaaa tcctagacaa 2556  
 atgtacgcgt aacattgacc gggtaaatac ttagaacaaa ttccaataatc aacaataatcc 2616  
 gcgctgcgt aaaaatttacc cctcagttgt gtggaattac caataccaac cttttctaag 2676  
 gctacggaa cggggacctt ggaaagctt agtatttccc ctccgttaatt ataatagtca 2736  
 aataaatata tagaacgatt acctaaccag catggaaagg aagcgtgaag gttaggtata 2796  
 taccggggac cttgtggtcg tgtatataca gatgacagat acgc当地acatc 2856  
 aaggagctgt tataaaacgc atccattgac attccgtta acaccgaaac tataatgtca 2916  
 atcaggtctg gtgtgcgggc tacaatttca tcaataaccg tttggaaaga atctgcaata 2976  
 tcatattcca tgagttgttg tagagtcggg ttcgtttgtt actccgttat aagaccttgg 3036  
 gttagcgatg tcacacacgc ttgtttaat acctggtttta aaaacatttgc ggcgcctgg 3096  
 tttaaggcgg gtaaggggt ttgatttattt aggacgttag ccaaaaacgg taaacgc当地 3156  
 actagctttt ggc当地ctgt cacatgttagg cttggggat tgtcaacccg ggcatttata 3216  
 cacgcagcat caataatagc ctgtgcagag tgatataaaaa ttggacttcc ggttaatacg 3276  
 cttcccccagg cagaggatcc gttgttaagat actacaatca acggactggg ggattctgc当地 3336  
 taatgtcgcg gtacaatttga tagggacgc cggttccaga aatctgctgg agtgc当地 3396  
 ctaactaatt gggcataaca gatgtcgaac cattccataa gacittgggg ttctgtcgaa 3456  
 gctgggttaa acaatagaac gtctttaaa ggtggatgc tggcggacga attgttttc 3516  
 ttcccgtaa atcgc当地ttg tccaggcggc tcaaggacgc catcaaagga accgttatttgc 3576  
 atcggatctg tggttggaaatg ttgc当地tccg tggcccttttgc cacttgaag caacccagat 3636  
 gcaacgc当地ggg aactagaagg tcggacgggg tgc当地tggagt taacaatgtt tacggcccg 3696  
 ttatttagctt caaggacgtc ccgattttt tcctgtatgc gtgttgc当地 agggagatca 3756

tcaataacctc cagaagttaa ctgtcgatca agatcgatta tggatgaaac gggtccaata	3816		
ttgtccccat ttgacgtgtg tgattcaccc atggctgccca ccatatgctc tgcgtatatt	3876		
tttatagacg atgcaagacg aggggtgcat cgatatcagc caatcagctg tttgcataat	3936		
aaaagtaccc gttgtccatc agcaaaataa cgcgttccgt ttgggattag ttctgcatac	3996		
ataatacataaa tatcacggtg ctgcggttt ccagtattta ttcgtatcgc tacaacgtta	4056		
aatgcataaa agaataaacc ggggctaaga taaacaggca atgataaaat caatccccct	4116		
gaattatgcg tggccgaaaa aacgtgtgaa acaaatggtt cggttttgg tattaagaga	4176		
tttgttaagg cggttatcgaa aatgtacgca gcaaaaactt gacaccacgg ttgcattga	4236		
cctgttagcat gatatcttgc ttgtacttca accttgaagg gttgtccggg tttctttaaa	4296		
atcagtaatg cgggatctat tccggccgca ataagccccg cgtaggtat cacaacgtgt	4356		
agtaatcatt ttgtgtgatc attatgccaa agtgcatttt tggttcatt tgccaaatgg	4416		
gcttccatia tacaccggat atgggtgtac tggaaaaaaa aaagaaatat gtacgtattc	4476		
aaacatttt tacgtacgtg gtatthaagg atacatttaa actttggtgg ggtaactata	4536		
tatcttctta tcgttccag ggt atc cga ggt caa gat ttt aat ctt ctg ttt	4588		
Gly Ile Arg Gly Gln Asp Phe Asn Leu Leu Phe			
355	360		
gtg gat gaa gct aat ttt att cga cct gat gct gta caa act ata gtc	4636		
Val Asp Glu Ala Asn Phe Ile Arg Pro Asp Ala Val Gln Thr Ile Val			
365	370	375	
gga ttt tta aat caa acc aat tgt aaa att att ttt gtt tca tca aca	4684		
Gly Phe Leu Asn Gln Thr Asn Cys Lys Ile Ile Phe Val Ser Ser Thr			
380	385	390	395
aat acc gga aaa gca agt aca agt ttt ttg tat aac tta cgt gga tcg	4732		
Asn Thr Gly Lys Ala Ser Thr Ser Phe Leu Tyr Asn Leu Arg Gly Ser			
400	405	410	
tcg gat cag ttg tta aac gtt gtc aca tat gta tgc gac gat cac atg	4780		
Ser Asp Gln Leu Leu Asn Val Val Thr Tyr Val Cys Asp Asp His Met			
415	420	425	
ccg cgt gtt tta gca cat agc gat gtc aca gct tgt tcg tgt tat gta	4828		
Pro Arg Val Leu Ala His Ser Asp Val Thr Ala Cys Ser Cys Tyr Val			
430	435	440	

tta aat aag ccg gtt ttc atc aca atg gat gga gcc atg cg <sup>g</sup> cgc act Leu Asn Lys Pro Val Phe Ile Thr Met Asp Gly Ala Met Arg Arg Thr 445 450 455	4876
gca gat tta ttt atg gcc gac tcc ttc gtg cag gaa att gta ggt ggg Ala Asp Leu Phe Met Ala Asp Ser Phe Val Gln Glu Ile Val Gly Gly 460 465 470 475	4924
cgt aaa cag aat tct ggg ggt gtg ggg ttt gac cg <sup>g</sup> cca tta ttt aca Arg Lys Gln Asn Ser Gly Gly Val Gly Phe Asp Arg Pro Leu Phe Thr 480 485 490	4972
aaa act gcc cgt gag agg ttt att tta tat cg <sup>g</sup> ccg tca acc gtt gc <sup>g</sup> Lys Thr Ala Arg Glu Arg Phe Ile Leu Tyr Arg Pro Ser Thr Val Ala 495 500 505	5020
aat tgt gct ata tta tcg tca gtg ttg tac gtt tac gta gac cct gca Asn Cys Ala Ile Leu Ser Ser Val Leu Tyr Val Tyr Val Asp Pro Ala 510 515 520	5068
ttt acc tca aat aca cga gc <sup>g</sup> tct ggt act ggt gta gc <sup>g</sup> att gtt ggt Phe Thr Ser Asn Thr Arg Ala Ser Gly Thr Gly Val Ala Ile Val Gly 525 530 535	5116
cgt tat aag tcg gat tgg att ata ttt gga ttg gag cac ttt ttt ctt Arg Tyr Lys Ser Asp Trp Ile Phe Gly Leu Glu His Phe Phe Leu 540 545 550 555	5164
aga gct tta act ggc acg tct tcc agt gag ata ggg cgt tgc gtt act Arg Ala Leu Thr Gly Thr Ser Ser Glu Ile Gly Arg Cys Val Thr 560 565 570	5212
caa tgc tta ggc cac ata ctc gct tta cac ccc aat aca ttt aca aac Gln Cys Leu Gly His Ile Leu Ala Leu His Pro Asn Thr Phe Thr Asn 575 580 585	5260
gta cac gtt tct ata gag gga aac agc agc cag gat tct gca gtt gc <sup>g</sup> Val His Val Ser Ile Glu Gly Asn Ser Ser Gln Asp Ser Ala Val Ala 590 595 600	5308
ata tcg ttg gct ata gca caa cag ttt gct gtc ctc gaa aag gga aac Ile Ser Leu Ala Ile Ala Gln Gln Phe Ala Val Leu Glu Lys Gly Asn 605 610 615	5356
gtg cta tct tcc gct cca gtg tta ctg ttt tat cat tcc ata cct ccc Val Leu Ser Ser Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr His Ser Ile Pro Pro 620 625 630 635	5404
gga tgt agc gtg gc <sup>g</sup> tac cct ttt tta tta caa aaa caa aaa acg	5452

Gly Cys Ser Val Ala Tyr Pro Phe Phe Leu Leu Gln Lys Gln Lys Thr			
640	645	650	
ccg gcc gta gac tat ttt gtt aaa cga ttt aac tcc gga aat ata ata			5500
Pro Ala Val Asp Tyr Phe Val Lys Arg Phe Asn Ser Gly Asn Ile Ile			
655	660	665	
gcc tca cag gag ctt gta tcc cta aca gta aag tta ggt gta gac ccc			5548
Ala Ser Gln Glu Leu Val Ser Leu Thr Val Lys Leu Gly Val Asp Pro			
670	675	680	
gtg gag tat cta tgt aaa cag ttg gat aac ctg aca gag gta att aaa			5596
Val Glu Tyr Leu Cys Lys Gln Leu Asp Asn Leu Thr Glu Val Ile Lys			
685	690	695	
ggc ggt atg ggt aat cta gac aca aaa act tac acg ggt aaa ggt acc			5644
Gly Gly Met Gly Asn Leu Asp Thr Lys Thr Tyr Thr Gly Lys Gly Thr			
700	705	710	715
acg gga aca atg tca gat gat ctg atg gtt gca tta att atg tcc gtg			5692
Thr Gly Thr Met Ser Asp Asp Leu Met Val Ala Leu Ile Met Ser Val			
720	725	730	
tat att ggc agt tca tgt ata ccg gat tcc gtg ttt atg cct att aaa			5740
Tyr Ile Gly Ser Ser Cys Ile Pro Asp Ser Val Phe Met Pro Ile Lys			
735	740	745	
taa			5743

<210> 81  
<211> 747  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 81

Met Ser Leu Ile Met Phe Gly Arg Thr Leu Gly Glu Ser Val Arg  
1 5 10 15

Tyr Phe Glu Arg Leu Lys Arg Arg Asp Glu Arg Phe Gly Thr Leu  
20 25 30

Glu Ser Pro Thr Pro Cys Ser Thr Arg Gln Gly Ser Leu Gly Asn Ala  
35 40 45

Thr Gln Ile Pro Phe Leu Asn Phe Ala Ile Asp Val Thr Arg Arg His

50

55

60

Gln Ala Val Ile Pro Gly Ile Gly Thr Leu His Asn Cys Cys Glu Tyr  
 65                    70                    75                    80

Ile Pro Leu Phe Ser Ala Thr Ala Arg Arg Ala Met Phe Gly Ala Phe  
 85                    90                    95

Leu Ser Ser Thr Gly Tyr Asn Cys Thr Pro Asn Val Val Leu Lys Pro  
 100                  105                  110

Trp Arg Tyr Ser Val Asn Ala Asn Val Ser Pro Glu Leu Lys Lys Ala  
 115                  120                  125

Val Ser Ser Val Gln Phe Tyr Glu Tyr Ser Pro Glu Glu Ala Ala Pro  
 130                  135                  140

His Arg Asn Ala Tyr Ser Gly Val Met Asn Thr Phe Arg Ala Phe Ser  
 145                  150                  155                  160

Leu Ser Asp Ser Phe Cys Gln Leu Ser Thr Phe Thr Gln Arg Phe Ser  
 165                  170                  175

Tyr Leu Val Glu Thr Ser Phe Glu Ser Ile Glu Glu Cys Gly Ser His  
 180                  185                  190

Gly Lys Arg Ala Lys Val Asp Val Pro Ile Tyr Gly Arg Tyr Lys Gly  
 195                  200                  205

Thr Leu Glu Leu Phe Gln Lys Met Ile Leu Met His Thr Thr His Phe  
 210                  215                  220

Ile Ser Ser Val Leu Leu Gly Asp His Ala Asp Arg Val Asp Cys Phe  
 225                  230                  235                  240

Leu Arg Thr Val Phe Asn Thr Pro Ser Val Ser Asp Ser Val Leu Glu  
 245                  250                  255

His Phe Lys Gln Lys Ser Thr Val Phe Leu Val Pro Arg Arg His Gly  
 260 265 270

Lys Thr Trp Phe Leu Val Pro Leu Ile Ala Leu Val Met Ala Thr Phe  
 275 280 285

Arg Gly Ile Lys Val Gly Tyr Thr Ala His Ile Arg Lys Ala Thr Glu  
 290 295 300

Pro Val Phe Glu Gly Ile Lys Ser Arg Leu Glu Gln Trp Phe Gly Ala  
 305 310 315 320

Asn Tyr Val Asp His Val Lys Gly Glu Ser Ile Thr Phe Ser Phe Thr  
 325 330 335

Asp Gly Ser Tyr Ser Thr Ala Val Phe Ala Ser Ser His Asn Thr Asn  
 340 345 350

Gly Ile Arg Gly Gln Asp Phe Asn Leu Leu Phe Val Asp Glu Ala Asn  
 355 360 365

Phe Ile Arg Pro Asp Ala Val Gln Thr Ile Val Gly Phe Leu Asn Gln  
 370 375 380

Thr Asn Cys Lys Ile Ile Phe Val Ser Ser Thr Asn Thr Gly Lys Ala  
 385 390 395 400

Ser Thr Ser Phe Leu Tyr Asn Leu Arg Gly Ser Ser Asp Gln Leu Leu  
 405 410 415

Asn Val Val Thr Tyr Val Cys Asp Asp His Met Pro Arg Val Leu Ala  
 420 425 430

His Ser Asp Val Thr Ala Cys Ser Cys Tyr Val Leu Asn Lys Pro Val  
 435 440 445

Phe Ile Thr Met Asp Gly Ala Met Arg Arg Thr Ala Asp Leu Phe Met

出証特2005-3035385

450

455

460

Ala Asp Ser Phe Val Gln Glu Ile Val Gly Gly Arg Lys Gln Asn Ser  
 465 470 475 480

Gly Gly Val Gly Phe Asp Arg Pro Leu Phe Thr Lys Thr Ala Arg Glu  
 485 490 495

Arg Phe Ile Leu Tyr Arg Pro Ser Thr Val Ala Asn Cys Ala Ile Leu  
 500 505 510

Ser Ser Val Leu Tyr Val Tyr Val Asp Pro Ala Phe Thr Ser Asn Thr  
 515 520 525

Arg Ala Ser Gly Thr Gly Val Ala Ile Val Gly Arg Tyr Lys Ser Asp  
 530 535 540

Trp Ile Ile Phe Gly Leu Glu His Phe Phe Leu Arg Ala Leu Thr Gly  
 545 550 555 560

Thr Ser Ser Ser Glu Ile Gly Arg Cys Val Thr Gln Cys Leu Gly His  
 565 570 575

Ile Leu Ala Leu His Pro Asn Thr Phe Thr Asn Val His Val Ser Ile  
 580 585 590

Glu Gly Asn Ser Ser Gln Asp Ser Ala Val Ala Ile Ser Leu Ala Ile  
 595 600 605

Ala Gln Gln Phe Ala Val Leu Glu Lys Gly Asn Val Leu Ser Ser Ala  
 610 615 620

Pro Val Leu Leu Phe Tyr His Ser Ile Pro Pro Gly Cys Ser Val Ala  
 625 630 635 640

Tyr Pro Phe Phe Leu Leu Gln Lys Gln Lys Thr Pro Ala Val Asp Tyr  
 645 650 655

Phe Val Lys Arg Phe Asn Ser Gly Asn Ile Ile Ala Ser Gln Glu Leu  
 660 665 670

Val Ser Leu Thr Val Lys Leu Gly Val Asp Pro Val Glu Tyr Leu Cys  
 675 680 685

Lys Gln Leu Asp Asn Leu Thr Glu Val Ile Lys Gly Gly Met Gly Asn  
 690 695 700

Leu Asp Thr Lys Thr Tyr Thr Gly Lys Gly Thr Thr Gly Thr Met Ser  
 705 710 715 720

Asp Asp Leu Met Val Ala Leu Ile Met Ser Val Tyr Ile Gly Ser Ser  
 725 730 735

Cys Ile Pro Asp Ser Val Phe Met Pro Ile Lys  
 740 745

<210> 82  
 <211> 1308  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1308)

<400> 82  
 atg gga actcaa aag aag ggg ccg cgt tct gaa aaa gtc tcg ccg tac 48  
 Met Gly Thr Gln Lys Lys Gly Pro Arg Ser Glu Lys Val Ser Pro Tyr  
 1 5 10 15

gac acc acg aca ccc gag gtg gaa gcg tta gat cat caa atg gat acg 96  
 Asp Thr Thr Pro Glu Val Glu Ala Leu Asp His Gln Met Asp Thr  
 20 25 30

ctt aat tgg cga att tgg ata att cag gtg atg atg ttc act ttg ggt 144  
 Leu Asn Trp Arg Ile Trp Ile Ile Gln Val Met Met Phe Thr Leu Gly  
 35 40 45

gcg gta atg ctc ctg gct acg tta att gcc gcc tct tct gaa tat acc 192  
 Ala Val Met Leu Leu Ala Thr Leu Ile Ala Ala Ser Ser Glu Tyr Thr

50	55	60	
ggg atc cct tgt ttt tat gct gcc gta gtt gat tat gag tta ttt aac Gly Ile Pro Cys Phe Tyr Ala Ala Val Val Asp Tyr Glu Leu Phe Asn 65 70 75 80			240
gcc acc cta gat ggg ggg gta tgg tcc gga aat aga ggt gga tac agc Ala Thr Leu Asp Gly Gly Val Trp Ser Gly Asn Arg Gly Gly Tyr Ser 85 90 95			288
gcc ccg gtt ttg ttt ttg gaa cca cat agc gtt gtg gca ttt act tac Ala Pro Val Leu Phe Leu Glu Pro His Ser Val Val Ala Phe Thr Tyr 100 105 110			336
tac acg gct tta acg gca atg gcc atg gcg gta tat aca ctg atc acg Tyr Thr Ala Leu Thr Ala Met Ala Met Ala Val Tyr Thr Leu Ile Thr 115 120 125			384
gcc gcg att ata cac cga gaa acg aaa aat caa cgt gtc cggt caa agc Ala Ala Ile Ile His Arg Glu Thr Lys Asn Gln Arg Val Arg Gln Ser 130 135 140			432
tcc ggt gtt gca tgg tta gtt gta gat ccc aca aca ctt ttt tgg ggt Ser Gly Val Ala Trp Leu Val Val Asp Pro Thr Thr Leu Phe Trp Gly 145 150 155 160			480
ctt ttg tca ttg tgg tta aac gcc gtt gtg tta tta tta gct tac Leu Leu Ser Leu Trp Leu Leu Asn Ala Val Val Leu Leu Leu Ala Tyr 165 170 175			528
aag caa atc ggc gtg gct gct aca tta tat ctt gga cat ttt gcg aca Lys Gln Ile Gly Val Ala Ala Thr Leu Tyr Leu Gly His Phe Ala Thr 180 185 190			576
agt gta ata ttt aca acg tat ttt tgt gga cgc gga aaa ttg gac gaa Ser Val Ile Phe Thr Thr Tyr Phe Cys Gly Arg Gly Lys Leu Asp Glu 195 200 205			624
acg aac ata aaa gcg gtc gca aat tta cga cag cag agc gtc ttt tta Thr Asn Ile Lys Ala Val Ala Asn Leu Arg Gln Gln Ser Val Phe Leu 210 215 220			672
tat cgc ctt gcg ggg cct acg cgc gca gtg ttc gtg aat ttg atg gct Tyr Arg Leu Ala Gly Pro Thr Arg Ala Val Phe Val Asn Leu Met Ala 225 230 235 240			720
gcg ttg atg gcg ata tgt atc cta ttt gta tca tta atg ctg gaa ctt Ala Leu Met Ala Ile Cys Ile Leu Phe Val Ser Leu Met Leu Glu Leu 245 250 255			768

gtg gtg gcg aat cat cta cat acg gga ctg tgg tca tcg gtg tcc gtg Val Val Ala Asn His Leu His Thr Gly Leu Trp Ser Ser Val Ser Val 260 265 270	816
gcc atg tct aca ttt agt aca ttg tca gtt gta tat ctt ata gta tca Ala Met Ser Thr Phe Ser Thr Leu Ser Val Val Tyr Leu Ile Val Ser 275 280 285	864
gaa tta att ttg gcg cat tat ata cac gtg tta ata gga ccg tcc ctg Glu Leu Ile Leu Ala His Tyr Ile His Val Leu Ile Gly Pro Ser Leu 290 295 300	912
gga acg ctc gtg gcc tgt gct acg ttg gga acc gcc gcg cac tcg tat Gly Thr Leu Val Ala Cys Ala Thr Leu Gly Thr Ala Ala His Ser Tyr 305 310 315 320	960
atg gac cga tta tat gac cct ata tcg gtt caa tct cca cgg tta att Met Asp Arg Leu Tyr Asp Pro Ile Ser Val Gln Ser Pro Arg Leu Ile 325 330 335	1008
ccc aca act cgg gga acc ttg gct tgc ctg gcc gtg ttt tcc gtt gtc Pro Thr Thr Arg Gly Thr Leu Ala Cys Leu Ala Val Phe Ser Val Val 340 345 350	1056
atg ttg ctt ctc aga ttg atg cgt gca tat gtg tat cat cga cag aaa Met Leu Leu Leu Arg Leu Met Arg Ala Tyr Val Tyr His Arg Gln Lys 355 360 365	1104
cgc agt cgg ttc tac ggt gcc gta aga aga gta ccc gag cgg gta cgg Arg Ser Arg Phe Tyr Gly Ala Val Arg Arg Val Pro Glu Arg Val Arg 370 375 380	1152
gga tac ata cga aaa gta aaa cct gca cat aga aat tct cgc cgc aca Gly Tyr Ile Arg Lys Val Lys Pro Ala His Arg Asn Ser Arg Arg Thr 385 390 395 400	1200
aat tac cca tca caa ggc tac ggc tac gtc tat gaa aat gac tca aca Asn Tyr Pro Ser Gln Gly Tyr Gly Tyr Val Tyr Glu Asn Asp Ser Thr 405 410 415	1248
tat gaa acg gac cgc gag gat gag ctg tta tac gag cga tca aac agt Tyr Glu Thr Asp Arg Glu Asp Glu Leu Leu Tyr Glu Arg Ser Asn Ser 420 425 430	1296
ggg tgg gag tag Gly Trp Glu 435	1308

&lt;211&gt; 435

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 83

Met Gly Thr Gln Lys Lys Gly Pro Arg Ser Glu Lys Val Ser Pro Tyr  
 1 5 10 15

Asp Thr Thr Pro Glu Val Glu Ala Leu Asp His Gln Met Asp Thr  
 20 25 30

Leu Asn Trp Arg Ile Trp Ile Ile Gln Val Met Met Phe Thr Leu Gly  
 35 40 45

Ala Val Met Leu Leu Ala Thr Leu Ile Ala Ala Ser Ser Glu Tyr Thr  
 50 55 60

Gly Ile Pro Cys Phe Tyr Ala Ala Val Val Asp Tyr Glu Leu Phe Asn  
 65 70 75 80

Ala Thr Leu Asp Gly Gly Val Trp Ser Gly Asn Arg Gly Gly Tyr Ser  
 85 90 95

Ala Pro Val Leu Phe Leu Glu Pro His Ser Val Val Ala Phe Thr Tyr  
 100 105 110

Tyr Thr Ala Leu Thr Ala Met Ala Met Ala Val Tyr Thr Leu Ile Thr  
 115 120 125

Ala Ala Ile Ile His Arg Glu Thr Lys Asn Gln Arg Val Arg Gln Ser  
 130 135 140

Ser Gly Val Ala Trp Leu Val Val Asp Pro Thr Thr Leu Phe Trp Gly  
 145 150 155 160

Leu Leu Ser Leu Trp Leu Leu Asn Ala Val Val Leu Leu Leu Ala Tyr  
 165 170 175

Lys Gln Ile Gly Val Ala Ala Thr Leu Tyr Leu Gly His Phe Ala Thr  
 180 185 190

Ser Val Ile Phe Thr Thr Tyr Phe Cys Gly Arg Gly Lys Leu Asp Glu  
 195 200 205

Thr Asn Ile Lys Ala Val Ala Asn Leu Arg Gln Gln Ser Val Phe Leu  
 210 215 220

Tyr Arg Leu Ala Gly Pro Thr Arg Ala Val Phe Val Asn Leu Met Ala  
 225 230 235 240

Ala Leu Met Ala Ile Cys Ile Leu Phe Val Ser Leu Met Leu Glu Leu  
 245 250 255

Val Val Ala Asn His Leu His Thr Gly Leu Trp Ser Ser Val Ser Val  
 260 265 270

Ala Met Ser Thr Phe Ser Thr Leu Ser Val Val Tyr Leu Ile Val Ser  
 275 280 285

Glu Leu Ile Leu Ala His Tyr Ile His Val Leu Ile Gly Pro Ser Leu  
 290 295 300

Gly Thr Leu Val Ala Cys Ala Thr Leu Gly Thr Ala Ala His Ser Tyr  
 305 310 315 320

Met Asp Arg Leu Tyr Asp Pro Ile Ser Val Gln Ser Pro Arg Leu Ile  
 325 330 335

Pro Thr Thr Arg Gly Thr Leu Ala Cys Leu Ala Val Phe Ser Val Val  
 340 345 350

Met Leu Leu Leu Arg Leu Met Arg Ala Tyr Val Tyr His Arg Gln Lys  
 355 360 365

Arg Ser Arg Phe Tyr Gly Ala Val Arg Arg Val Pro Glu Arg Val Arg  
 370 375 380

Gly Tyr Ile Arg Lys Val Lys Pro Ala His Arg Asn Ser Arg Arg Thr  
 385                   390                   395                   400

Asn Tyr Pro Ser Gln Gly Tyr Gly Tyr Val Tyr Glu Asn Asp Ser Thr  
 405                   410                   415

Tyr Glu Thr Asp Arg Glu Asp Glu Leu Leu Tyr Glu Arg Ser Asn Ser  
 420                   425                   430

Gly Trp Glu  
 435

<210> 84  
 <211> 2310  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(2310)

<400> 84  
 atg gcc gaa ata acg tct ctt aat aac agt tcc ggt agt gaa gaa       48  
 Met Ala Glu Ile Thr Ser Leu Phe Asn Asn Ser Ser Gly Ser Glu Glu  
 1               5               10               15

aaa agg ata gca agt tct gtt att gac cag ggc ttg aat gga agt       96  
 Lys Arg Ile Ala Ser Ser Val Ser Ile Asp Gln Gly Leu Asn Gly Ser  
 20               25               30

aac cca aat gac caa tac aag aac atg ttc gat ata tac tgg aat gag       144  
 Asn Pro Asn Asp Gln Tyr Lys Asn Met Phe Asp Ile Tyr Trp Asn Glu  
 35               40               45

tac gcc ccg gat ata ggg ttt tgt aca ttt ccg gag gaa gat ggc tgg       192  
 Tyr Ala Pro Asp Ile Gly Phe Cys Thr Phe Pro Glu Glu Asp Gly Trp  
 50               55               60

atg tta ata cac cca acc acg caa agt atg ttg ttt cga aaa atc cta       240  
 Met Leu Ile His Pro Thr Thr Gln Ser Met Leu Phe Arg Lys Ile Leu  
 65               70               75               80

gcc ggt gac ttt gga tat acc gat gga caa ggc ata tat agc gct gta       288

Ala Gly Asp Phe Gly Tyr Thr Asp Gly Gln Gly Ile Tyr Ser Ala Val  
 85 90 95

cggtctacggaaactgtattcgccaaatgcgaccgttttgatg  
 Arg Ser Thr Glu Thr Val Ile Arg Gln Val Gln Ala Thr Val Leu Met  
 100 105 110

aacgcgttggatgcaactcggtatgaggaccta gca gca gat tgg gaa  
 Asn Ala Leu Asp Ala Thr Arg Tyr Glu Asp Leu Ala Ala Asp Trp Glu  
 115 120 125

cac cac atc caa caa tgt aac ctg cat gcc ggg gct cta gcg gaa cgt  
 His His Ile Gln Gln Cys Asn Leu His Ala Gly Ala Leu Ala Glu Arg  
 130 135 140

tat ggg cta tgt gga gaa tca gaa gcc gta cggtt gca cat cag gtt  
 Tyr Gly Leu Cys Gly Glu Ser Glu Ala Val Arg Leu Ala His Gln Val  
 145 150 155 160

ttt gaa acc tgg cgt caa aca tta cag tca tcg tta ctt gag ttt ctg  
 Phe Glu Thr Trp Arg Gln Thr Leu Gln Ser Ser Leu Leu Glu Phe Leu  
 165 170 175

cgt gga ata acc ggt tgt ctc tat acc agt ggt tta aat gga agg gtc  
 Arg Gly Ile Thr Gly Cys Leu Tyr Thr Ser Gly Leu Asn Gly Arg Val  
 180 185 190

ggt ttt gcc aaa tac gtg gac tgg ata gcc tgt gta ggt att gtg ccc  
 Gly Phe Ala Lys Tyr Val Asp Trp Ile Ala Cys Val Gly Ile Val Pro  
 195 200 205

gtt gta aga aag gta cga tca gaa cag aat gga acc cct gca cca tta  
 Val Val Arg Lys Val Arg Ser Glu Gln Asn Gly Thr Pro Ala Pro Leu  
 210 215 220

aat acg tat atg ggt caa gcg gca gaa ctg tcc cag atg tta aaa gtt  
 Asn Thr Tyr Met Gly Gln Ala Ala Glu Leu Ser Gln Met Leu Lys Val  
 225 230 235 240

gcc gat gca acg ttg gcc aga gga gcg gtc aca agc cta gtt  
 Ala Asp Ala Thr Leu Ala Arg Gly Ala Ala Val Val Thr Ser Leu Val  
 245 250 255

gag tgt atg caa aat gtt gct att atg gat tat gat agg acg cgt ctt  
 Glu Cys Met Gln Asn Val Ala Ile Met Asp Tyr Asp Arg Thr Arg Leu  
 260 265 270

tat tat aat tat aac cga aga tta att atg gca aag gat gat gta acg  
 Tyr Tyr Asn Tyr Asn Arg Arg Leu Ile Met Ala Lys Asp Asp Val Thr  
 275 280 285

ggc atg aag gga gag tgt ttg gtc gtg tgg ccg ccc gtt gta tgt ggg Gly Met Lys Gly Glu Cys Leu Val Val Trp Pro Pro Val Val Cys Gly 290 295 300	912
gag ggt gta gta ttt gac tca ccc tta cag cgg ctt tct ggg gag gtg Glu Gly Val Val Phe Asp Ser Pro Leu Gln Arg Leu Ser Gly Glu Val 305 310 315 320	960
ttg gcc tgt tat gca tta cgt gaa cat gct cgc gtc tgc caa gtt tta Leu Ala Cys Tyr Ala Leu Arg Glu His Ala Arg Val Cys Gln Val Leu 325 330 335	1008
aat aca gcc cct ttg cgc gtg tta ata ggt cgc cgg aat gaa gat gat Asn Thr Ala Pro Leu Arg Val Leu Ile Gly Arg Arg Asn Glu Asp Asp 340 345 350	1056
aga tct cac agc aca cgt gcg gtt gat cgt ata atg ggc gag aac gat Arg Ser His Ser Thr Arg Ala Val Asp Arg Ile Met Gly Glu Asn Asp 355 360 365	1104
aca aca cggt gct gga tcg gcc gcg tct aga ctt gta aag cta ata gtt Thr Thr Arg Ala Gly Ser Ala Ala Ser Arg Leu Val Lys Leu Ile Val 370 375 380	1152
aac tta aaa aac atg aga cat gtt gga gat att acc gaa acc gta cgt Asn Leu Lys Asn Met Arg His Val Gly Asp Ile Thr Glu Thr Val Arg 385 390 395 400	1200
tcc tat cta gaa gaa acg ggc aat cac att ctg gaa gga agt gga tcg Ser Tyr Leu Glu Glu Thr Gly Asn His Ile Leu Glu Gly Ser Gly Ser 405 410 415	1248
gtg gac aca tca caa ccg ggg ttt ggc aag gcc aac caa tcc ttt aac Val Asp Thr Ser Gln Pro Gly Phe Gly Lys Ala Asn Gln Ser Phe Asn 420 425 430	1296
ggg ggg gca atg tcc gga aca aca aac gtt caa agt gcg ttt aaa act Gly Gly Ala Met Ser Gly Thr Thr Asn Val Gln Ser Ala Phe Lys Thr 435 440 445	1344
tcg gtg gtt aac agt atc aac ggc atg ctc gag ggt tat gtg aat aat Ser Val Val Asn Ser Ile Asn Gly Met Leu Glu Gly Tyr Val Asn Asn 450 455 460	1392
tta ttc aaa acc att gag ggt ctc aag gat gtg aac agc gat ctg acc Leu Phe Lys Thr Ile Glu Gly Leu Lys Asp Val Asn Ser Asp Leu Thr 465 470 475 480	1440
gaa agg ctc cag ttc aaa gaa gga gag ctg aaa cgg tta cgg gaa gag 1488	

Glu Arg Leu Gln Phe Lys Glu Gly Glu Leu Lys Arg Leu Arg Glu Glu			
485	490	495	
agg gta aaa ata aag cca tct aaa ggg tca cat att aca atg gca gaa			1536
Arg Val Lys Ile Lys Pro Ser Lys Gly Ser His Ile Thr Met Ala Glu			
500	505	510	
gaa aca cgt att gcc gat tta aat cac gag gtt ata gat ctt acc ggc			1584
Glu Thr Arg Ile Ala Asp Leu Asn His Glu Val Ile Asp Leu Thr Gly			
515	520	525	
ata ata ggg gat gat gca tat att gcc aat agt ttt caa tct cgt tat			1632
Ile Ile Gly Asp Asp Ala Tyr Ile Ala Asn Ser Phe Gln Ser Arg Tyr			
530	535	540	
atc ccc cct tat gga gat gat ata aaa cgt ttg tct gag cta tgg aaa			1680
Ile Pro Pro Tyr Gly Asp Asp Ile Lys Arg Leu Ser Glu Leu Trp Lys			
545	550	555	560
cag gaa ctt gtt cgc tgt ttt aag ctt cac cgg gta aac aat aat caa			1728
Gln Glu Leu Val Arg Cys Phe Lys Leu His Arg Val Asn Asn Gln			
565	570	575	
ggc cag gaa att tct gta tca tat tca aat gcg tca atc tca tta cta			1776
Gly Gln Glu Ile Ser Val Ser Tyr Ser Asn Ala Ser Ile Ser Leu Leu			
580	585	590	
gtt gcg ccg tat ttt tca ttc ata tta cgg gcc acc cga tta gga ttc			1824
Val Ala Pro Tyr Phe Ser Phe Ile Leu Arg Ala Thr Arg Leu Gly Phe			
595	600	605	
ttg gta act caa agc gag gta cat agg tca gag gaa gag tta tgc cag			1872
Leu Val Thr Gln Ser Glu Val His Arg Ser Glu Glu Leu Cys Gln			
610	615	620	
gct att ttt aaa aag gcg aga aca gag tcc tat tta tcc caa atc cga			1920
Ala Ile Phe Lys Lys Ala Arg Thr Glu Ser Tyr Leu Ser Gln Ile Arg			
625	630	635	640
ata tta tat gaa atg cag gtt cgc gca gag gta ata aaa cgg ggc cca			1968
Ile Leu Tyr Glu Met Gln Val Arg Ala Glu Val Ile Lys Arg Gly Pro			
645	650	655	
cgg aga aca cca agt cct tcc tgg ggt ttg cct gac cct aca gaa gat			2016
Arg Arg Thr Pro Ser Pro Ser Trp Gly Leu Pro Asp Pro Thr Glu Asp			
660	665	670	
gac gaa aga atc ccg gaa ccc aat aaa ata aat aac caa tac atg cat			2064
Asp Glu Arg Ile Pro Glu Pro Asn Lys Ile Asn Asn Gln Tyr Met His			
675	680	685	

gtt gga tat aaa aac cta tcc cat ttt atg aaa gga cac ccc cct gag Val Gly Tyr Lys Asn Leu Ser His Phe Met Lys Gly His Pro Pro Glu 690 695 700	2112
agg tta cggtt gta cac aag gta aat gca gcg gat tcg acc tta ctg gat Arg Leu Arg Val His Lys Val Asn Ala Ala Asp Ser Thr Leu Leu Asp 705 710 715 720	2160
aaa att cga gca aac cggtt agg cgc ggg gat ggc cga tgg gat gtc cgg Lys Ile Arg Ala Asn Arg Arg Gly Asp Gly Arg Trp Asp Val Arg 725 730 735	2208
aat aaa tat acc cag cat ttt agg ttg cag cgt aac gat cga caa ctt Asn Lys Tyr Thr Gln His Phe Arg Leu Gln Arg Asn Asp Arg Gln Leu 740 745 750	2256
act aac acg agc cga aga ggg gtt gga tgt gag cga cgt gat cga aga Thr Asn Thr Ser Arg Arg Gly Val Gly Cys Glu Arg Arg Asp Arg Arg 755 760 765	2304
tct tag Ser	2310

<210> 85  
<211> 769  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster  
  
<400> 85

Met Ala Glu Ile Thr Ser Leu Phe Asn Asn Ser Ser Gly Ser Glu Glu  
1 5 10 15

Lys Arg Ile Ala Ser Ser Val Ser Ile Asp Gln Gly Leu Asn Gly Ser  
20 25 30

Asn Pro Asn Asp Gln Tyr Lys Asn Met Phe Asp Ile Tyr Trp Asn Glu  
35 40 45

Tyr Ala Pro Asp Ile Gly Phe Cys Thr Phe Pro Glu Glu Asp Gly Trp  
50 55 60

Met Leu Ile His Pro Thr Thr Gln Ser Met Leu Phe Arg Lys Ile Leu

出証特2005-3035385

65

70

75

80

Ala Gly Asp Phe Gly Tyr Thr Asp Gly Gln Gly Ile Tyr Ser Ala Val  
 85 90 95

Arg Ser Thr Glu Thr Val Ile Arg Gln Val Gln Ala Thr Val Leu Met  
 100 105 110

Asn Ala Leu Asp Ala Thr Arg Tyr Glu Asp Leu Ala Ala Asp Trp Glu  
 115 120 125

His His Ile Gln Gln Cys Asn Leu His Ala Gly Ala Leu Ala Glu Arg  
 130 135 140

Tyr Gly Leu Cys Gly Glu Ser Glu Ala Val Arg Leu Ala His Gln Val  
 145 150 155 160

Phe Glu Thr Trp Arg Gln Thr Leu Gln Ser Ser Leu Leu Glu Phe Leu  
 165 170 175

Arg Gly Ile Thr Gly Cys Leu Tyr Thr Ser Gly Leu Asn Gly Arg Val  
 180 185 190

Gly Phe Ala Lys Tyr Val Asp Trp Ile Ala Cys Val Gly Ile Val Pro  
 195 200 205

Val Val Arg Lys Val Arg Ser Glu Gln Asn Gly Thr Pro Ala Pro Leu  
 210 215 220

Asn Thr Tyr Met Gly Gln Ala Ala Glu Leu Ser Gln Met Leu Lys Val  
 225 230 235 240

Ala Asp Ala Thr Leu Ala Arg Gly Ala Ala Val Val Thr Ser Leu Val  
 245 250 255

Glu Cys Met Gln Asn Val Ala Ile Met Asp Tyr Asp Arg Thr Arg Leu  
 260 265 270

Tyr Tyr Asn Tyr Asn Arg Arg Leu Ile Met Ala Lys Asp Asp Val Thr  
275 280 285

Gly Met Lys Gly Glu Cys Leu Val Val Trp Pro Pro Val Val Cys Gly  
290 295 300

Glu Gly Val Val Phe Asp Ser Pro Leu Gln Arg Leu Ser Gly Glu Val  
305 310 315 320

Leu Ala Cys Tyr Ala Leu Arg Glu His Ala Arg Val Cys Gln Val Leu  
325 330 335

Asn Thr Ala Pro Leu Arg Val Leu Ile Gly Arg Arg Asn Glu Asp Asp  
340 345 350

Arg Ser His Ser Thr Arg Ala Val Asp Arg Ile Met Gly Glu Asn Asp  
355 360 365

Thr Thr Arg Ala Gly Ser Ala Ala Ser Arg Leu Val Lys Leu Ile Val  
370 375 380

Asn Leu Lys Asn Met Arg His Val Gly Asp Ile Thr Glu Thr Val Arg  
385 390 395 400

Ser Tyr Leu Glu Glu Thr Gly Asn His Ile Leu Glu Gly Ser Gly Ser  
405 410 415

Val Asp Thr Ser Gln Pro Gly Phe Gly Lys Ala Asn Gln Ser Phe Asn  
420 425 430

Gly Gly Ala Met Ser Gly Thr Thr Asn Val Gln Ser Ala Phe Lys Thr  
435 440 445

Ser Val Val Asn Ser Ile Asn Gly Met Leu Glu Gly Tyr Val Asn Asn  
450 455 460

Leu Phe Lys Thr Ile Glu Gly Leu Lys Asp Val Asn Ser Asp Leu Thr

465

470

475

480

Glu Arg Leu Gln Phe Lys Glu Gly Glu Leu Lys Arg Leu Arg Glu Glu  
485 490 495

Arg Val Lys Ile Lys Pro Ser Lys Gly Ser His Ile Thr Met Ala Glu  
500 505 510

Glu Thr Arg Ile Ala Asp Leu Asn His Glu Val Ile Asp Leu Thr Gly  
515 520 525

Ile Ile Gly Asp Asp Ala Tyr Ile Ala Asn Ser Phe Gln Ser Arg Tyr  
530 535 540

Ile Pro Pro Tyr Gly Asp Asp Ile Lys Arg Leu Ser Glu Leu Trp Lys  
545 550 555 560

Gln Glu Leu Val Arg Cys Phe Lys Leu His Arg Val Asn Asn Asn Gln  
565 570 575

Gly Gln Glu Ile Ser Val Ser Tyr Ser Asn Ala Ser Ile Ser Leu Leu  
580 585 590

Val Ala Pro Tyr Phe Ser Phe Ile Leu Arg Ala Thr Arg Leu Gly Phe  
595 600 605

Leu Val Thr Gln Ser Glu Val His Arg Ser Glu Glu Glu Leu Cys Gln  
610 615 620

Ala Ile Phe Lys Lys Ala Arg Thr Glu Ser Tyr Leu Ser Gln Ile Arg  
625 630 635 640

Ile Leu Tyr Glu Met Gln Val Arg Ala Glu Val Ile Lys Arg Gly Pro  
645 650 655

Arg Arg Thr Pro Ser Pro Ser Trp Gly Leu Pro Asp Pro Thr Glu Asp  
660 665 670

Asp Glu Arg Ile Pro Glu Pro Asn Lys Ile Asn Asn Gln Tyr Met His  
 675 680 685

Val Gly Tyr Lys Asn Leu Ser His Phe Met Lys Gly His Pro Pro Glu  
 690 695 700

Arg Leu Arg Val His Lys Val Asn Ala Ala Asp Ser Thr Leu Leu Asp  
 705 710 715 720

Lys Ile Arg Ala Asn Arg Arg Gly Asp Gly Arg Trp Asp Val Arg  
 725 730 735

Asn Lys Tyr Thr Gln His Phe Arg Leu Gln Arg Asn Asp Arg Gln Leu  
 740 745 750

Thr Asn Thr Ser Arg Arg Gly Val Gly Cys Glu Arg Arg Asp Arg Arg  
 755 760 765

Ser

<210> 86

<211> 666

<212> DNA

<213> Varicella zoster

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(666)

<400> 86

atg ttt tcg gag ttg cct cct tcc gta ccg acg gca ttg ctt caa tgg	48
Met Phe Ser Glu Leu Pro Pro Ser Val Pro Thr Ala Leu Leu Gln Trp	
1 5 10 15	

ggt tgg gga ttg cat cgt gga ccg tgt tcg atc cca aat ttt aaa cag	96
Gly Trp Gly Leu His Arg Gly Pro Cys Ser Ile Pro Asn Phe Lys Gln	
20 25 30	

gta gcc agc caa cac agt gtt cag aac gat ttt aca gaa aat agc gtt	144
Val Ala Ser Gln His Ser Val Gln Asn Asp Phe Thr Glu Asn Ser Val	

35	40	45	
gat gca aat gaa aaa ttt ccg att ggg cac gcg ggc tgt att gag aaa Asp Ala Asn Glu Lys Phe Pro Ile Gly His Ala Gly Cys Ile Glu Lys 50 55 60			192
acc aaa gac gac tat gta cca ttt gat acg ttg ttc atg gta tca tct Thr Lys Asp Asp Tyr Val Pro Phe Asp Thr Leu Phe Met Val Ser Ser 65 70 75 80			240
att gac gaa ctt ggg cg <sup>g</sup> aga caa tta acc gac acc atc cgc cgc agc Ile Asp Glu Leu Gly Arg Arg Gln Leu Thr Asp Thr Ile Arg Arg Ser 85 90 95			288
ttg gtt atg aac gcc tgt gaa ata acg gtc gcg tgt acg aaa acc gca Leu Val Met Asn Ala Cys Glu Ile Thr Val Ala Cys Thr Lys Thr Ala 100 105 110			336
gcc ttt tct ggt cga ggc gtg tca cga caa aaa cac gtg acc cta tct Ala Phe Ser Gly Arg Gly Val Ser Arg Gln Lys His Val Thr Leu Ser 115 120 125			384
aaa aat aaa ttc aat cca tcc agt cat aag agc ctg caa atg ttt gtg Lys Asn Lys Phe Asn Pro Ser Ser His Lys Ser Leu Gln Met Phe Val 130 135 140			432
ttg tgt caa aaa acc cat gca ccc cgt gtc aga aac cta ctg tac gag Leu Cys Gln Lys Thr His Ala Pro Arg Val Arg Asn Leu Leu Tyr Glu 145 150 155 160			480
agt att cgt gca aga aga cct cgc cga tat tac acc cgc tca acg gac Ser Ile Arg Ala Arg Arg Pro Arg Arg Tyr Tyr Thr Arg Ser Thr Asp 165 170 175			528
gga aaa tcg cgt ccg ttg gta cca gtg ttt gtg tat gag ttt acg gct Gly Lys Ser Arg Pro Leu Val Pro Val Phe Val Tyr Glu Phe Thr Ala 180 185 190			576
tta gat cgt gtc ctt tta cat aag gaa aat act ttg acc gac caa cca Leu Asp Arg Val Leu Leu His Lys Glu Asn Thr Leu Thr Asp Gln Pro 195 200 205			624
att aat act gaa aat agc ggt cat gga cgt acg aga acg taa Ile Asn Thr Glu Asn Ser Gly His Gly Arg Thr Arg Thr 210 215 220			666

<210> 87  
<211> 221  
<212> PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 87

Met	Phe	Ser	Glu	Leu	Pro	Pro	Ser	Val	Pro	Thr	Ala	Leu	Leu	Gln	Trp
1				5					10					15	

Gly	Trp	Gly	Leu	His	Arg	Gly	Pro	Cys	Ser	Ile	Pro	Asn	Phe	Lys	Gln
				20				25					30		

Val	Ala	Ser	Gln	His	Ser	Val	Gln	Asn	Asp	Phe	Thr	Glu	Asn	Ser	Val
					35			40				45			

Asp	Ala	Asn	Glu	Lys	Phe	Pro	Ile	Gly	His	Ala	Gly	Cys	Ile	Glu	Lys
				50			55				60				

Thr	Lys	Asp	Asp	Tyr	Val	Pro	Phe	Asp	Thr	Leu	Phe	Met	Val	Ser	Ser
65					70				75				80		

Ile	Asp	Glu	Leu	Gly	Arg	Arg	Gln	Leu	Thr	Asp	Thr	Ile	Arg	Arg	Ser
					85			90				95			

Leu	Val	Met	Asn	Ala	Cys	Glu	Ile	Thr	Val	Ala	Cys	Thr	Lys	Thr	Ala
					100				105			110			

Ala	Phe	Ser	Gly	Arg	Gly	Val	Ser	Arg	Gln	Lys	His	Val	Thr	Leu	Ser
					115			120			125				

Lys	Asn	Lys	Phe	Asn	Pro	Ser	Ser	His	Lys	Ser	Leu	Gln	Met	Phe	Val
							130		135			140			

Leu	Cys	Gln	Lys	Thr	His	Ala	Pro	Arg	Val	Arg	Asn	Leu	Leu	Tyr	Glu
145						150				155			160		

Ser	Ile	Arg	Ala	Arg	Arg	Pro	Arg	Arg	Tyr	Tyr	Thr	Arg	Ser	Thr	Asp
						165			170			175			

Gly	Lys	Ser	Arg	Pro	Leu	Val	Pro	Val	Phe	Val	Tyr	Glu	Phe	Thr	Ala
						180			185			190			

Leu Asp Arg Val Leu Leu His Lys Glu Asn Thr Leu Thr Asp Gln Pro  
 195 200 205

Ile Asn Thr Glu Asn Ser Gly His Gly Arg Thr Arg Thr  
 210 215 220

<210> 88  
 <211> 480  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(480)

<400> 88  
 atg gca tca cat aaa tgg tta ctg cag ata gtt ttt tta aaa act atc 48  
 Met Ala Ser His Lys Trp Leu Leu Gln Ile Val Phe Leu Lys Thr Ile  
 1 5 10 15

aca atc gcg tat tgt ctt cat ctc caa gac gac act ccg ttg ttt ttt 96  
 Thr Ile Ala Tyr Cys Leu His Leu Gln Asp Asp Thr Pro Leu Phe Phe  
 20 25 30

gga gcc aaa ccg cta tcg gat gtg agt ttg att ata acg gaa ccg tgc 144  
 Gly Ala Lys Pro Leu Ser Asp Val Ser Leu Ile Ile Thr Glu Pro Cys  
 35 40 45

gtg tca tcg gta tat gag gcg tgg gac tat gcg gca ccc ccg gta tca 192  
 Val Ser Ser Val Tyr Glu Ala Trp Asp Tyr Ala Ala Pro Pro Val Ser  
 50 55 60

aac ctc agc gag gcg cta tcg gga atc gtg gtt aag aca aaa tgt cca 240  
 Asn Leu Ser Glu Ala Leu Ser Gly Ile Val Val Lys Thr Lys Cys Pro  
 65 70 75 80

gta ccg gaa gtt ata ctt tgg ttt aaa gac aaa caa atg gcg tac tgg 288  
 Val Pro Glu Val Ile Leu Trp Phe Lys Asp Lys Gln Met Ala Tyr Trp  
 85 90 95

aca aat cca tac gtc acc tta aag ggg ctg gca caa tct gtt ggt gaa 336  
 Thr Asn Pro Tyr Val Thr Leu Lys Gly Leu Ala Gln Ser Val Gly Glu  
 100 105 110

gaa cat aaa agc ggg gac ata cgc gat gct ttg ttg gat gcc ctt tcc 384

Glu His Lys Ser Gly Asp Ile Arg Asp Ala Leu Leu Asp Ala Leu Ser  
 115 120 125

ggt gta tgg gta gac tct act cca tct tcc aca aat atc ccg gaa aat 432  
 Gly Val Trp Val Asp Ser Thr Pro Ser Ser Thr Asn Ile Pro Glu Asn  
 130 135 140

gga tgt gtc tgg gga gcc gac cgt ttg ttc caa cgc gta tgc caa tga 480  
 Gly Cys Val Trp Gly Ala Asp Arg Leu Phe Gln Arg Val Cys Gln  
 145 150 155

<210> 89  
 <211> 159  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 89

Met Ala Ser His Lys Trp Leu Leu Gln Ile Val Phe Leu Lys Thr Ile  
 1 5 10 15

Thr Ile Ala Tyr Cys Leu His Leu Gln Asp Asp Thr Pro Leu Phe Phe  
 20 25 30

Gly Ala Lys Pro Leu Ser Asp Val Ser Leu Ile Ile Thr Glu Pro Cys  
 35 40 45

Val Ser Ser Val Tyr Glu Ala Trp Asp Tyr Ala Ala Pro Pro Val Ser  
 50 55 60

Asn Leu Ser Glu Ala Leu Ser Gly Ile Val Val Lys Thr Lys Cys Pro  
 65 70 75 80

Val Pro Glu Val Ile Leu Trp Phe Lys Asp Lys Gln Met Ala Tyr Trp  
 85 90 95

Thr Asn Pro Tyr Val Thr Leu Lys Gly Leu Ala Gln Ser Val Gly Glu  
 100 105 110

Glu His Lys Ser Gly Asp Ile Arg Asp Ala Leu Leu Asp Ala Leu Ser  
 115 120 125

Gly Val Trp Val Asp Ser Thr Pro Ser Ser Thr Asn Ile Pro Glu Asn  
 130 135 140

Gly Cys Val Trp Gly Ala Asp Arg Leu Phe Gln Arg Val Cys Gln  
 145 150 155

<210> 90  
 <211> 909  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(909)

<400> 90  
 atg gct tct gta gca ggt aac gct agt aat atc tca cca cag ccc ccg 48  
 Met Ala Ser Val Ala Gly Asn Ala Ser Asn Ile Ser Pro Gln Pro Pro  
 1 5 10 15

tcg ggc gtt cca acc gga ggg gaa ttt gta ctg ata cct acc gcg tat 96  
 Ser Gly Val Pro Thr Gly Glu Phe Val Leu Ile Pro Thr Ala Tyr  
 20 25 30

tat tca cag ctg tta acc ggg cag act aaa aat ccg cag gta tca att 144  
 Tyr Ser Gln Leu Leu Thr Gly Gln Thr Lys Asn Pro Gln Val Ser Ile  
 35 40 45

gga gct cca aat aac gga cag tat atc gtc ggg cca tat gga tct cca 192  
 Gly Ala Pro Asn Asn Gly Gln Tyr Ile Val Gly Pro Tyr Gly Ser Pro  
 50 55 60

cac ccg cct gcc ttc cca cct aat aca ggg ggt tat ggt tgc cct ccg 240  
 His Pro Pro Ala Phe Pro Pro Asn Thr Gly Gly Tyr Gly Cys Pro Pro  
 65 70 75 80

gga cac ttc ggg gga ccg tac ggg ttt ccg gga tat cca cca ccc aat 288  
 Gly His Phe Gly Gly Pro Tyr Gly Phe Pro Gly Tyr Pro Pro Asn  
 85 90 95

cgt ttg gaa atg caa atg tcc gca ttt atg aac gca ttg gcc gcc gaa 336  
 Arg Leu Glu Met Gln Met Ser Ala Phe Met Asn Ala Leu Ala Ala Glu  
 100 105 110

cgg ggt att gac ttg cag acc ccg tgt gta aat ttt cca gac aaa acc 384  
 Arg Gly Ile Asp Leu Gln Thr Pro Cys Val Asn Phe Pro Asp Lys Thr

115	120	125	
gat gtc cgt cgt cca gga aaa cggtt aag agc atg gat caa agg Asp Val Arg Arg Pro Gly Lys Arg Asp Phe Lys Ser Met Asp Gln Arg 130 135 140			
gaa ttg gat tct ttt tat agt ggg gag tct caa atg gac gga gag ttt Glu Leu Asp Ser Phe Tyr Ser Gly Glu Ser Gln Met Asp Gly Glu Phe 145 150 155 160			
ccc tca aat ata tat ttt ccc ggt gaa cca acg tat ata acg cat cgg Pro Ser Asn Ile Tyr Phe Pro Gly Glu Pro Thr Tyr Ile Thr His Arg 165 170 175			
aga cgt cga gtt tct cca tca tat tgg cag agg aga cac aga gtt tct Arg Arg Arg Val Ser Pro Ser Tyr Trp Gln Arg Arg His Arg Val Ser 180 185 190			
aat ggt cag cac gaa gag ctt gct ggg gtt gtg gca aaa ctg caa cag Asn Gly Gln His Glu Glu Leu Ala Gly Val Val Ala Lys Leu Gln Gln 195 200 205			
gag gtt aca gag cta aaa tca caa aat ggg aca caa atg cct ttg tcg Glu Val Thr Glu Leu Lys Ser Gln Asn Gly Thr Gln Met Pro Leu Ser 210 215 220			
cac cat aca aat ata cca gag ggg aca cgg gat cct cga ata tcg att His His Thr Asn Ile Pro Glu Gly Thr Arg Asp Pro Arg Ile Ser Ile 225 230 235 240			
tta tta aaa cag ctt caa agc gtt tcg ggt cta tgc tca tcc caa aat Leu Leu Lys Gln Leu Gln Ser Val Ser Gly Leu Cys Ser Ser Gln Asn 245 250 255			
aca aca agc acc cca cat aca gat aca gtt gga caa gat gta aat gca Thr Thr Ser Thr Pro His Thr Asp Thr Val Gly Gln Asp Val Asn Ala 260 265 270			
gtg gag gcg agt tcc aag gcc cct tta ata cag ggg tcc acg gca gac Val Glu Ala Ser Ser Lys Ala Pro Leu Ile Gln Gly Ser Thr Ala Asp 275 280 285			
gac gcc gat atg ttt gca aat cag atg atg gtg ggg cggttgt taa Asp Ala Asp Met Phe Ala Asn Gln Met Met Val Gly Arg Cys 290 295 300			

<210> 91  
<211> 302  
<212> PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 91

Met	Ala	Ser	Val	Ala	Gly	Asn	Ala	Ser	Asn	Ile	Ser	Pro	Gln	Pro	Pro
1				5				10					15		

Ser	Gly	Val	Pro	Thr	Gly	Gly	Glu	Phe	Val	Leu	Ile	Pro	Thr	Ala	Tyr
									20			25		30	

Tyr	Ser	Gln	Leu	Leu	Thr	Gly	Gln	Thr	Lys	Asn	Pro	Gln	Val	Ser	Ile
								35		40			45		

Gly	Ala	Pro	Asn	Asn	Gly	Gln	Tyr	Ile	Val	Gly	Pro	Tyr	Gly	Ser	Pro
								50		55		60			

His	Pro	Pro	Ala	Phe	Pro	Pro	Asn	Thr	Gly	Gly	Tyr	Gly	Cys	Pro	Pro
65								70			75			80	

Gly	His	Phe	Gly	Gly	Pro	Tyr	Gly	Phe	Pro	Gly	Tyr	Pro	Pro	Pro	Asn
									85		90		95		

Arg	Leu	Glu	Met	Gln	Met	Ser	Ala	Phe	Met	Asn	Ala	Leu	Ala	Ala	Glu
									100		105		110		

Arg	Gly	Ile	Asp	Leu	Gln	Thr	Pro	Cys	Val	Asn	Phe	Pro	Asp	Lys	Thr
									115		120		125		

Asp	Val	Arg	Arg	Pro	Gly	Lys	Arg	Asp	Phe	Lys	Ser	Met	Asp	Gln	Arg
										130		135		140	

Glu	Leu	Asp	Ser	Phe	Tyr	Ser	Gly	Glu	Ser	Gln	Met	Asp	Gly	Glu	Phe
									145		150		155		160

Pro	Ser	Asn	Ile	Tyr	Phe	Pro	Gly	Glu	Pro	Thr	Tyr	Ile	Thr	His	Arg
									165		170		175		

Arg	Arg	Arg	Val	Ser	Pro	Ser	Tyr	Trp	Gln	Arg	Arg	His	Arg	Val	Ser
									180		185		190		

Asn Gly Gln His Glu Glu Leu Ala Gly Val Val Ala Lys Leu Gln Gln  
195 200 205

Glu Val Thr Glu Leu Lys Ser Gln Asn Gly Thr Gln Met Pro Leu Ser  
210 215 220

His His Thr Asn Ile Pro Glu Gly Thr Arg Asp Pro Arg Ile Ser Ile  
225 230 235 240

Leu Leu Lys Gln Leu Gln Ser Val Ser Gly Leu Cys Ser Ser Gln Asn  
245 250 255

Thr Thr Ser Thr Pro His Thr Asp Thr Val Gly Gln Asp Val Asn Ala  
260 265 270

Val Glu Ala Ser Ser Lys Ala Pro Leu Ile Gln Gly Ser Thr Ala Asp  
275 280 285

Asp Ala Asp Met Phe Ala Asn Gln Met Met Val Gly Arg Cys  
290 295 300

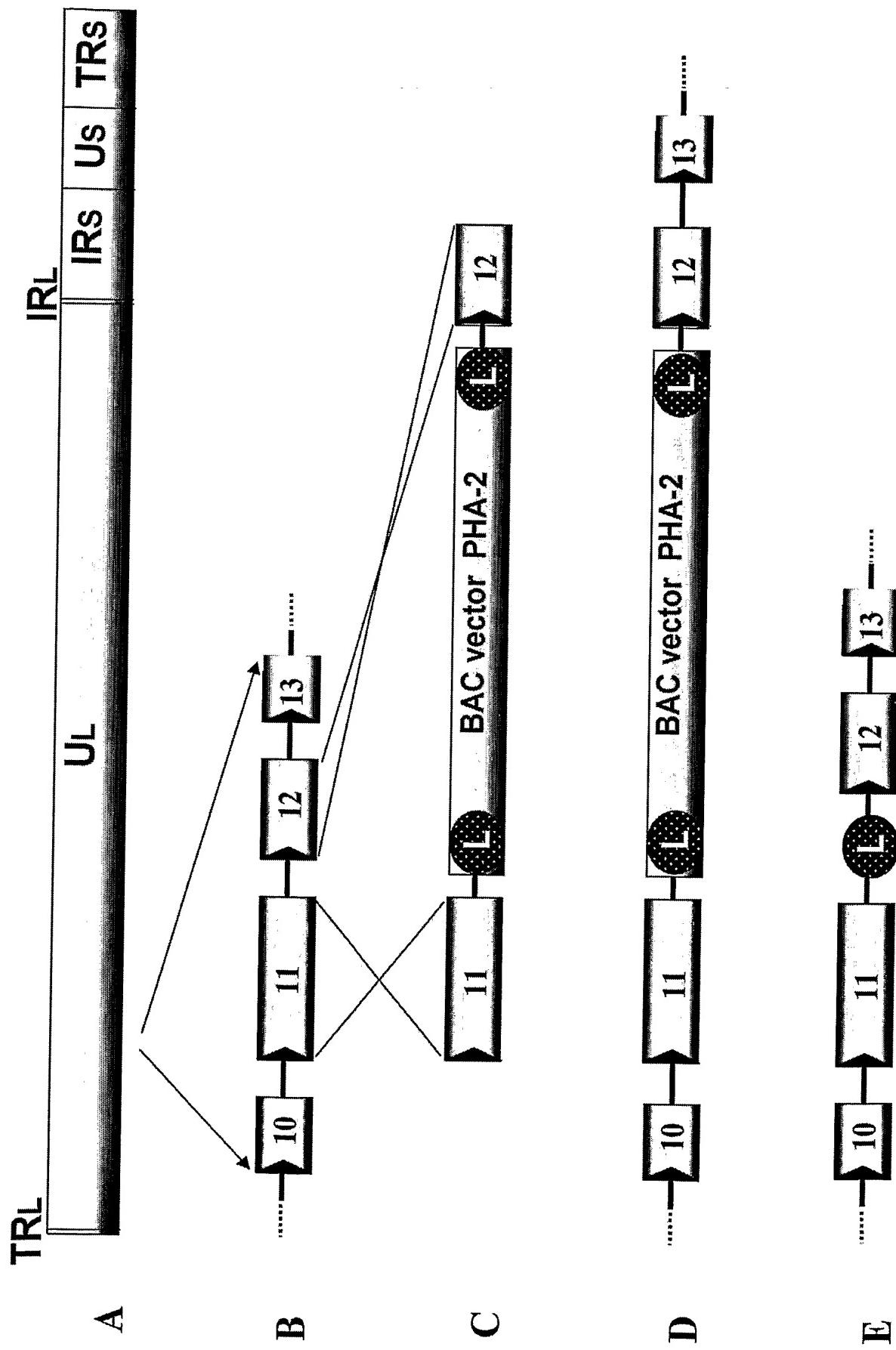
特願 2004-063277

ページ： 1/

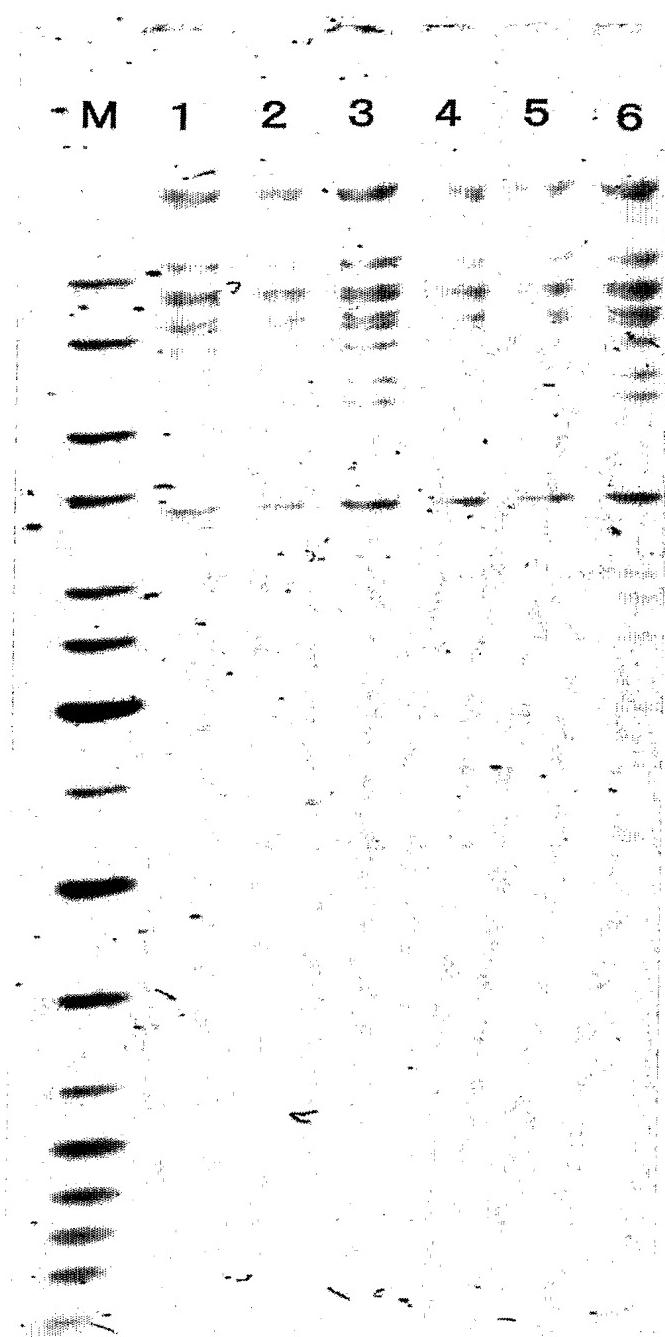
【書類名】 図面

出証特 2005-3035385

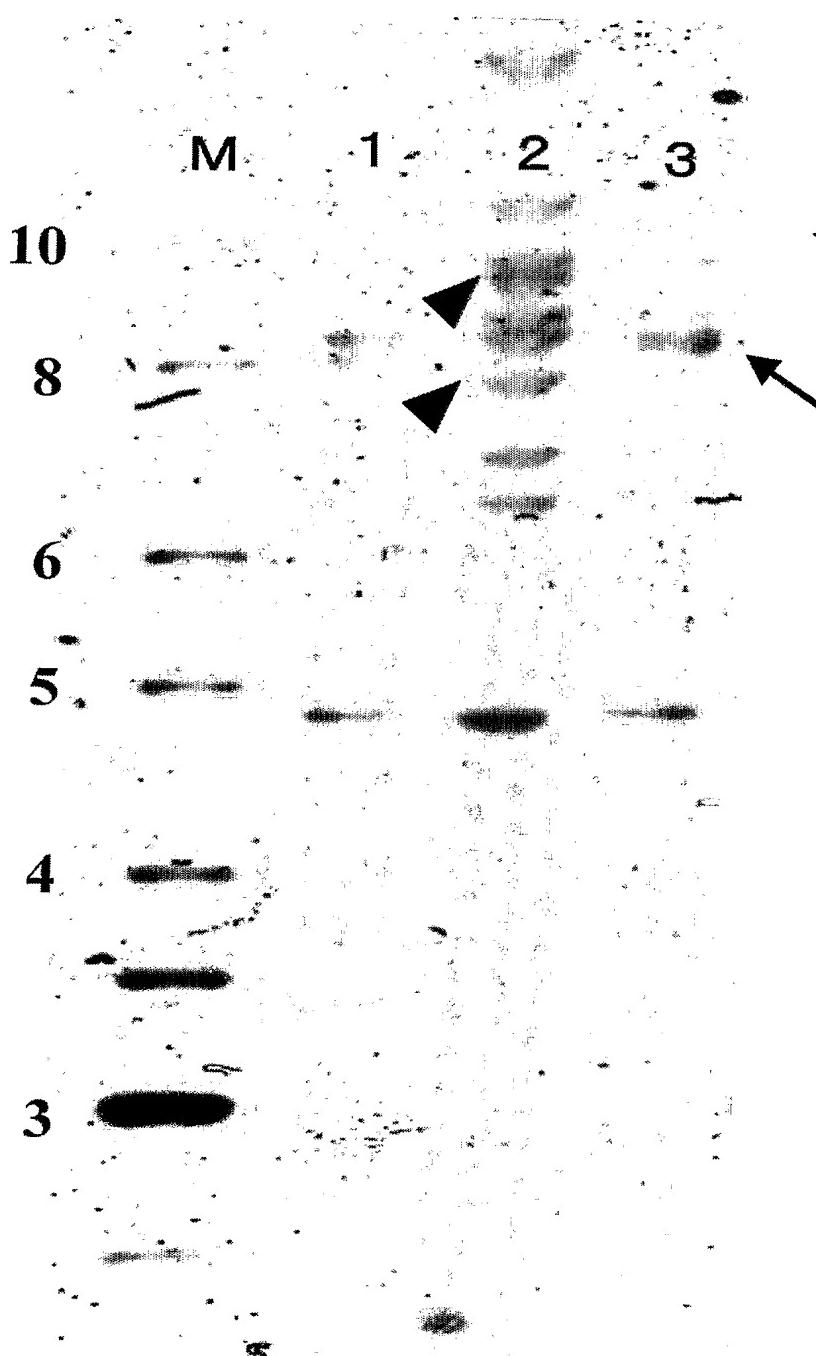
【図 1】



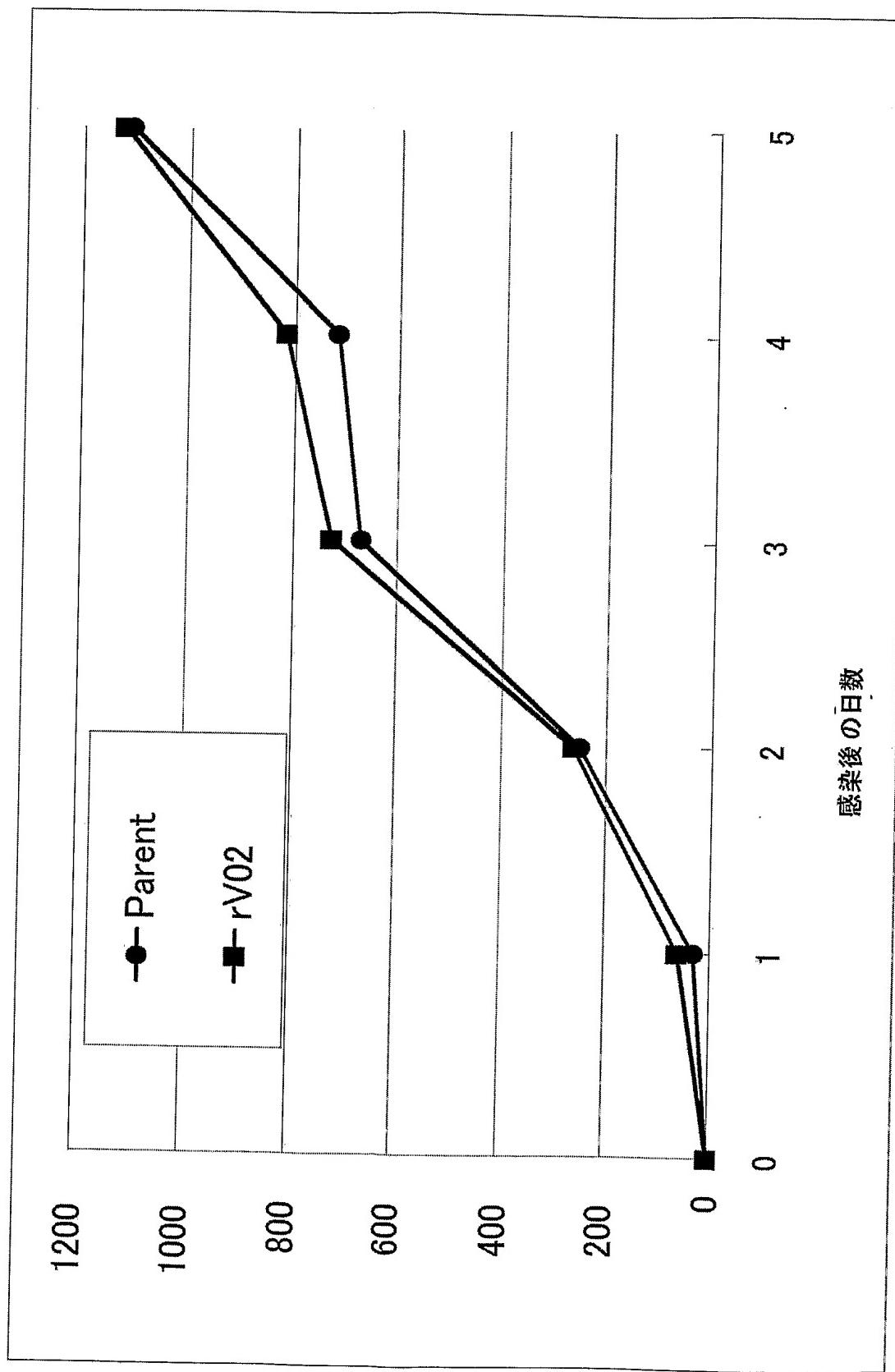
【図2】



【図3】



【図4】



【書類名】要約書

【要約】

【課題】 組換え水痘帯状疱疹ウイルス、およびその製造方法、ならびに組換え水痘帯状疱疹ウイルスを含む薬学的組成物を提供すること、さらに、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム遺伝子とBACベクター配列とを含むベクター、およびそのようなベクターを含む細胞、ならびに水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得るフラグメント、およびBACベクター配列を含む核酸カセットを提供することが課題である。

【解決手段】 BACベクター配列を用いる組換え水痘帯状疱疹ウイルス製造方法を開発することによって上記課題を解決した。

【選択図】 なし

特願 2004-063277

出願人履歴情報

識別番号

[000173692]

1. 変更年月日

[変更理由]

住 所

氏 名

1990年 8月13日

新規登録

大阪府吹田市山田丘3番1号 大阪大学内

財団法人阪大微生物病研究会